

Sequence Alignment

AA66174
ID AAY66174 standard; Protein; 187 AA.
XX
AC AAY66174;
XX
DT 14-FEB-2000 (first entry).
XX
DE Human bladder tumour EST encoded protein 32.
XX
KW Expressed sequence tag; human; bladder; tumour; cancer; cytostatic;
KW treatment; gene therapy; EST.
XX
OS Homo sapiens.
XX
PN DE19818619-A1.
XX
PD 28-OCT-1999.
XX
PF 21-APR-1998; 98DE-1018619.
XX
PR 21-APR-1998; 98DE-1018619.
XX
PA (META-) METAGEN GES GENOMFORSCHUNG MBH.
XX
PI Rosenthal A, Specht T, Hinzmann B, Schmitt A, Pilarsky C, Dahl E;
XX
DR WPI; 1999-612028/53.
XX
PT New nucleic acid sequences expressed in bladder tumor tissue, and
PT derived polypeptides, for treatment of bladder tumor and identification
PT of therapeutic agents
XX

PS Claim 23; Page 111; 132pp; German.
XX
CC This invention describes novel polypeptide fragments (I) and the
CC polynucleotides (II) that encode them that are highly expressed in a
CC human bladder tumour and which have cytostatic activity. (II) are used
CC for recombinant expression of (I) and to isolate complete genes. (I) are
CC used to identify agents suitable for treatment of bladder cancer, to
CC directly treat this form of cancer (including expression from gene
CC therapy vectors) or are used in a preparation for cancer treatment. (I)
CC is also used for the generation of specific antibodies. (II) are
CC identified by assembling ESTs (expressed sequence tags) from a
CC particular tissue type before comparison of expression patterns. This
CC allows a significantly longer fragment of the gene to be revealed, and
CC therefore reduces the number of failures associated with the fact that
CC ESTs from different libraries may represent different parts of the same
CC unknown gene, distorting the estimated frequency of occurrence in a
CC particular tissue. AAY66143-Y66198 represent protein fragments encoded by
CC the human bladder tumour cDNA library derived expressed sequence tag
CC (EST) fragments represented in AA243260-243309.
XX
SQ Sequence 187 AA;

Query Match 95.5%; Score 998; DB 20; Length 187;
Best Local Similarity 97.8%; Pred. No. 8.7e-82;
Matches 182; Conservative 0; Mismatches 4; Indels 0; Gaps 0;

Qy	4	RTTTWARRTSRAVTPTCATPAGPMPCSRPPLSLRCSLHSACCSGDPASYRLWGAPLQPTL	63
Db	2	RAARGARRTSRAVTPTCATPAGPMPCSRPPLSLRCSLHSACCSGDPASYRLWGAPLQPTL	61
Qy	64	GVVPOASVPLLTDLAQWEPVLVPEAHPNASLTMVYCTPVPHDPDPPMALSRTPTRQISSSD	123
Db	62	GVVPOASVPLLTDLAQWEPVLVPEAHPNASLTMVYCTPVPHDPDPPMALSRTPTRQISSSD	121
Qy	124	TDPPADGFSNPLCCCFHGFPAFSTLNPVLRHLFPQEAFFPAHPIYDLSQVWSVVSPAPSRGQ	183
Db	122	TDPPADGFSNPLCCCFHGFPAFSTLNPVLRHLFPQEAFFPAHPIYDLSQVWSVVSPAPSRGQ	181
Qy	184	ALRRAQ	189
Db	182	ALRRAQ	187



①9 **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenl gungsschrift**
⑩ **DE 198 18 619 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 18 619.3
㉑ Anmeldetag: 21. 4. 98
㉒ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑤1 Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21,C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 619 A 1

㉑1 Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉑4 Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉑2 Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ⑤4 Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Tumor
⑤1 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasentu-
morgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodie-
ren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 619 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasenmorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasenmorgewebe, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 50 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasenmorgewebe eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, die im Blasenmorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-50 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-50 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG,

pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden.

Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 51-106.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 51-106 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 50 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 51-106 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-50 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 51-106 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 51-106 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-50, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-50 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 50, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

10 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15 Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebe ESTs.

30 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

45 Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

55 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

65 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 17,7.x stärker im normalen Blasentumorgewebe als im normalem Blasengewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0690	0.0565	17.6998	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0078	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	20
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				40
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				50
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				55
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				60

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0281	0.0000	undef
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0479	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0227	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0585	0.0000	undef
15	Lunge 0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0000	0.0274	0.0000	undef
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
35	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
40	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60	Uterus_n 0.0000			
65				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	V rhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0307	0.0000	undef	5
Brust	0.0307	0.0376	0.8166	1.2245	
Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904	
Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402	
Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0075	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0185	0.0216	0.8571	1.1667	
Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293	1.8892	
Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0575	0.0351	1.6399	0.6098	
Lunge	0.0145	0.0082	1.7781	0.5624	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983	
Muskel-Skelett	0.0308	0.0300	1.0280	0.9728	
Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0954	0.2135	4.6839	
Brust-Hyperplasie	0.0512				
Prostata-Hyperplasie	0.0268				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0305				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0213				
Lunge	0.0289				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0185				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0122				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0463				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef	5
Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496	
Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391	0.6949	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef	
Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0093	0.0143	0.6532	1.5310	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	20
Pankreas	0.0149	0.0055	2.6923	0.3714	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0354				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0272				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0151				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0259				60
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0060				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0155				65
Uterus_n	0.0250				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0204		0.0000	undef	5
Brust	0.0038		0.0075		0.5104	1.9593	
Duennndarm	0.0031		0.0000		und f	0.0000	
Eierstock	0.0060		0.0052		1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022		0.0021		1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0042		0.0137		0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0052		0.0143		0.3629	2.7557	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2856	3.5020	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0017		0.0110		0.1496	6.6857	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229		0.0068		3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0204		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0353						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						30
Zervix	0.0000						
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0118						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0036						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0124						45
Placenta	0.0242						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						50
	%Haeufigkeit						
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						55
Endokrines_Gewebe	0.0245						
Foetal	0.0151						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0259						60
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0080						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0250						65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0370	0.0518	19.3158
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0288	0.0468	0.6150	1.6261
	Lunge	0.0031	0.0143	0.2177	4.5929
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0153	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0751
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0540
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0201
	Prostata	0.0205
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0375

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0038	0.3403 2.9389	
Duenn darm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675 1.3029	
Endokrines Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0044	0.0144	0.3086 3.2409	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0031	0.0082	0.3810 2.6245	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0064	1.3648 0.7327	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0608	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	60
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0080	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0025	6.1132	0.1636
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Häufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Häufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	
Gehirn	0.0000	0.0113	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefesaesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
-- Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

16

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264 4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000 undef	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			
	FOETUS			35
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0000			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Ha ufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241
	Gehirn	0.0052	0.0082	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0345	0.0117	2.9518	0.3388
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0395	0.1296 7.7146	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0234	0.2558 3.9088	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412 0.3400	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0073	0.0245	0.2964 3.3743	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0537	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0420	0.3263 3.0643	
Niere	0.0163	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499 20.0570	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706 5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445 0.4455	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0319			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0278	35
Gastrointestinal	0.0583	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0354	
Haut	0.5025	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0542	
Nebenniere	0.0761	
Niere	0.1235	45
Placenta	0.0727	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.1255	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0709	55
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0175	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0162	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.1278	0.0305	32.7774
	Brust	0.0179	0.0414	0.4331	2.3091
	Duenndarm	0.0031	0.1323	0.0232	43.1571
	Eierstock	0.0090	0.0234	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0301	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0374	0.0491	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.2209	0.0075	133.7133
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1224
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.1013
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0268
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0205
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse		
	%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0537	0.0726	13.7665	5
Brust	0.0077	0.0207	0.3712	2.6940	
Duenn darm	0.0368	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212	
Endokrines Gewebe	0.0102	0.0100	1.0189	0.9815	
Gastrointestinal	0.0421	0.0093	4.5559	0.2195	10
Gehirn	0.0118	0.0195	0.6063	1.6494	
Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0518	0.0919	10.8799	
Herz	0.0127	0.0275	0.4626	2.1618	15
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368	
Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0460	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857	
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357	
Prostata	0.0174	0.0192	0.9099	1.0990	
Uterus Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0251				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
	%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.2556	0.0763	13.1109
	Brust 0.0166	0.0357	0.4656	2.1477
	Duennndarm 0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock 0.0389	0.0052	7.4832	0.1336
	Endokrines_Gewebe 0.0392	0.0326	1.2017	0.8321
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0606	0.0122	81.9491
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch 0.0238	0.0518	0.4596	2.1760
	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseröhre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0600	0.0480	1.2493	0.8005
	Niere 0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
20	Pankreas 0.0198	0.0331	0.5983	1.6714
	Penis 0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1155	0.2641	3.7870
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Häufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointestinal 0.3332
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.2202
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 1.6381
	Herz-Blutgefäesse 0.0285
	Lunge 0.1337
	Nebenniere 1.0903
45	Niere 0.6301
	Placenta 0.6786
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Häufigkeit
50	Brust 0.0544
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.1063
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.4264
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0417	
Gastrointestinal	0.1361	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.1337	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.3380	
Herz-Blutgefuesse	0.0249	
Lunge	0.0578	
Nebenniere	0.5071	
Niere	0.2594	45
Placenta	0.4120	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

23

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0383	0.1017	9.8332
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
	%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0358	0.1090 9.1777	5
Brust	0.0077	0.0207	0.3712 2.6940	
Duendarm	0.0215	0.0331	0.6488 1.5413	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838 2.6058	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0575	0.0046	12.4251 0.0805	10
Gehirn	0.0000	0.0072	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef	
Hoden	0.0000	0.0585	0.0000 undef	15
Lunge	0.0104	0.0225	0.4618 2.1652	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0257	0.0120	2.1416 0.4669	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487 2.2286	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Häufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefäesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Häufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.3144	0.1116	8.9591
	Brust	0.0281	0.0470	0.5989	1.6698
	Duennndarm	0.0092	0.0662	0.1390	7.1929
	Eierstock	0.0569	0.0208	2.7342	0.3657
	Endokrines_Gewebe	0.0596	0.0527	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434
	Gehirn	0.0022	0.0945	0.0235	42.5950
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0082	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0540	1.4595	0.6852
20	Niere	0.0489	0.0137	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0264	0.0442	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.1066	0.0842	11.8713
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.1013	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1494	0.2551	3.9206
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0954	0.1601	6.2452
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.4554
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.2753
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	1.6381
	Herz-Blutgefuesse	0.0605
	Lunge	0.1879
	Nebenniere	1.1663
45	Niere	0.8215
	Placenta	0.7816
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1164
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.4665
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgan	0.0000
	Uterus_n	0.0291

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0332	0.1173 8.5221	5
Brust	0.0038	0.0263	0.1458 6.8574	
Duenndarm	0.0184	0.0331	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0156	0.9594 1.0423	
Endokrines Gewebe	0.0170	0.0075	2.2642 0.4417	
Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917 1.6901	10
Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781 0.8488	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225 8.1599	
Herz	0.0339	0.0137	2.4671 0.4053	15
Hoden	0.0288	0.0234	1.2299 0.8130	
Lunge	0.0218	0.0184	1.1854 0.8436	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0291	0.0240	1.2136 0.8240	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913 1.0088	20
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991 3.3428	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0149	1.0236 0.9769	
Uterus Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
Zervix	0.0213			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0320	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0354	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0171	
Haut-Muskel	0.0454	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0211	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.1457	0.1338	7.4732
	Brust	0.0013	0.0169	0.0756	13.2250
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0090	0.0260	0.3454	2.8954
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.1648	0.0231	7.1237	0.1404
	Gehirn	0.0030	0.0308	0.0960	10.4173
	Haematopoetisch	0.2099	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.2006	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0819	0.0000	undef
	Lunge	0.0956	0.2965	0.3223	3.1023
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.1917	0.0504	19.8329
	Muskel-Skelett	0.0959	0.0240	3.9977	0.2501
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0182	0.0497	0.3656	2.7350
	Penis	0.0030	0.1333	0.0225	44.5175
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0706			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.2076
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0281	0.1387	7.2110	5
Brust	0.0217	0.0132	1.6527	0.6051	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0148	0.0154	0.9599	1.0417	
Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0360	0.2380	4.2024	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286				30
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointental	0.0028				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0256	0.1525	6.5555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0256	0.1525 6.5555	5
Brust	0.0115	0.0150	0.7656 1.3062	
Duennndarm	0.0307	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781 0.3474	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925 1.2619	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000 1.2501	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.1695	0.0217 46.1678	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397 1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0104	0.0082	1.2701 0.7873	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0190	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357	
Penis	0.0150	0.0267	0.5616 1.7807	
Prostata	0.0087	0.0149	0.5849 1.7096	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0235			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
Zervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0260			
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0217			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0181			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0065			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0090			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0232			65
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.1968	0.1585	6.3096
	Brust	0.0281	0.0526	0.5347	1.8702
	Duennndarm	0.2177	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0494	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.2778	0.0324	8.5792	0.1166
	Gehirn	0.0007	0.0133	0.0554	18.0566
	Haematopoetisch	0.1470	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.1876	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.2339	0.0000	undef
20	Lunge	0.0623	0.1206	0.5166	1.9356
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1216	0.0300	4.0548	0.2466
	Niere	0.0081	0.1027	0.0793	12.6097
25	Pankreas	0.0743	0.2209	0.3365	2.9714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.1713	0.1594 6.2745	5
Brust	0.0217	0.0395	0.5509 1.8152	
Duennndarm	0.1901	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0390	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.2491	0.0278	8.9737 0.1114	10
Gehirn	0.0000	0.0113	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.1297	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0477	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.1423	0.0000 undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.2105	0.0000 undef	
Lunge	0.0457	0.0818	0.5588 1.7894	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0822	0.0240	3.4266 0.2918	
Niere	0.0054	0.1027	0.0529 18.9146	20
Pankreas	0.0694	0.2430	0.2855 3.5020	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0153	0.0106	1.4331 0.6978	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.4525	0.1896	5.2742
	Brust	0.1279	0.0977	1.3087	0.7641
	Duennndarm	0.4998	0.2150	2.3242	0.4302
	Eierstock	0.0180	0.1353	0.1328	7.5280
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0176	1.7466	0.5725
10	Gastrointestinal	0.7434	0.1341	5.5413	0.1805
	Gehirn	0.0030	0.0524	0.0565	17.7093
	Haematopoetisch	0.6884	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0381	0.7635	0.0499	20.0598
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.1403	0.0000	undef
	Lunge	0.2773	0.5418	0.5119	1.9536
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.3450	0.1961	5.0999
	Muskel-Skelett	0.3203	0.0660	4.8544	0.2060
20	Niere	0.0163	0.1780	0.0915	10.9284
	Pankreas	0.0529	0.2319	0.2279	4.3875
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0828	0.0192	4.3220	0.2314
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0852			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1837
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0405
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444	5	
Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347		
Duenn darm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982		
Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391	0.6949	10	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0000	undef	0.0000		
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145		
Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285	0.9723		
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000		
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef		
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000		
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759	0.6775		
Lunge	0.0073	0.0143	0.5080	1.9684		
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000		
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000		
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143		
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791	25	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef		
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30	
Samenblase	0.0178					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069					
Zervix	0.0106					
FOETUS						
	%Haeufigkeit.					35
Entwicklung	0.0000					40
Gastrointestinal	0.0111					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0039					
Haut	0.2513					
Hepatisch	0.0000					45
Herz-Blutgefuesse	0.0071					
Lunge	0.0036					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0062					
Placenta	0.0061					50
Prostata	0.0249					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0136					55
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0152					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0041					
Gastrointestinal	0.0122					60
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0130					
Hoden	0.0077					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0040					65
Prostata	0.0137					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0231	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0429	0.2173	0.1974	5.0656	5
Brust	0.0409	0.0357	1.1462	0.8725	
Duenn darm	0.1870	0.0662	2.8269	0.3537	
Eierstock	0.0030	0.0833	0.0360	27.7957	
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.2740	0.0740	3.7016	0.2702	10
Gehirn	0.0007	0.0216	0.0343	29.1683	
Haematopoetisch	0.2165	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.3429	0.0277	36.0397	
Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7059	15
Hoden	0.0000	0.0585	0.0000	undef	
Lunge	0.1039	0.1738	0.5977	1.6731	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0920	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0994	0.0420	2.3660	0.4227	
Niere	0.0054	0.0753	0.0721	13.8707	20
Pankreas	0.0231	0.1160	0.1994	5.0142	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0262	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0512				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0319				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0612	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0366	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0588	0.1990	5.0259
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0539	0.0130	4.1445	0.2413
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0075	2.4906	0.4015
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0133	0.0123	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
15	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.0533	0.5054	1.9786
	Prostata	0.0327	0.0213	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0555
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0485
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.2430
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0338
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0680
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.1166

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.1227	0.2225 4.4952	5
Brust	0.0243	0.0263	0.9236 1.0828	
Duenndarm	0.1625	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0364	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.2146	0.0093	23.1935 0.0431	10
Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.1203	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0441	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.1229	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0935	0.0000 undef	
Lunge	0.0353	0.0900	0.3926 2.5473	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0857	0.0120	7.1388 0.1401	
Niere	0.0081	0.0753	0.1081 9.2471	20
Pankreas	0.0529	0.1381	0.3829 2.6116	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0109	0.0064	1.7060 0.5862	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0332	0.2347	4.2611
	Brust	0.0153	0.0169	0.9074	1.1021
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0210	0.0130	1.6118	0.6204
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
	Gastrointestinal	0.0153	0.0231	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0185	0.0226	0.8181	1.2223
	Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
25	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0181
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0292
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0332	0.2347	4.2611	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.2607	0.2393	4.1791
	Brust	0.0051	0.0282	0.1815	5.5104
	Duenn darm	0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0937	0.0320	31.2702
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.1360	0.0694	1.9604	0.5101
	Gehirn	0.0015	0.0318	0.0464	21.5290
	Haematopoetisch	0.1337	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.4594	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
15	Hoden	0.0000	0.1754	0.0000	undef
	Lunge	0.0540	0.2086	0.2590	3.8610
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0767	0.2521	3.9666
	Muskel-Skelett	0.1747	0.0240	7.2815	0.1373
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
20	Pankreas	0.0611	0.0773	0.7906	1.2649
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0021	9.2126	0.1085
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0702	0.2761	0.2542	3.9333	5
Brust	0.0614	0.0620	0.9899	1.0102	
Duenn darm	0.2024	0.1489	1.3594	0.7356	
Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832	
Endokrines Gewebe	0.0255	0.0025	10.1887	0.0981	
Gastrointestinal	0.4138	0.0740	5.5913	0.1788	10
Gehirn	0.0044	0.0431	0.1029	9.7228	
Haematopoetisch	0.5774	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0285	0.3364	0.0848	11.7866	
Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235	15
Hoden	0.0000	0.2689	0.0000	undef	
Lunge	0.1735	0.2678	0.6476	1.5441	
Magen-Speiseroehre	0.0870	0.1917	0.4538	2.2037	
Muskel-Skelett	0.2193	0.0180	12.1835	0.0821	
Niere	0.0136	0.1164	0.1166	8.5746	20
Pankreas	0.0677	0.1822	0.3717	2.6906	
Penis	0.0030	0.1333	0.0225	44.5175	
Prostata	0.0327	0.0085	3.8386	0.2605	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0927				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.2823				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0087				
Zervix	0.0426				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0157				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.4082				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.3493				55
Endokrines Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0082				
Gastrointestinal	0.1953				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0491				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0166	0.0320	0.5204	1.9216
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
10	Gehirn	0.0067	0.0442	0.1507	6.6362
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
	Herz	0.0625	0.1512	0.4135	2.4182
15	Hoden	0.0345	0.0117	2.9518	0.3388
	Lunge	0.0322	0.0286	1.1249	0.8889
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1260	0.5303	1.8857
	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
20	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
25	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0325
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0494
	Placenta	0.0909
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0297
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0390	0.1355	0.2878 3.4744	5
Brust	0.0269	0.0564	0.4764 2.0992	
Duennndarm	0.1932	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0312	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.2203	0.0509	4.3300 0.2309	10
Gehirn	0.0000	0.0103	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0882	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000 undef	
Herz	0.0095	0.0137	0.6939 1.4412	15
Hoden	0.0000	0.0702	0.0000 undef	
Lunge	0.0478	0.1472	0.3246 3.0809	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.1011	0.0120	8.4237 0.1187	
Niere	0.0054	0.0548	0.0991 10.0878	20
Pankreas	0.0099	0.0552	0.1795 5.5714	
Penis	0.0000	0.2933	0.0000 undef	
Prostata	0.0153	0.0021	7.1654 0.1396	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0213			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0895	0.3051	3.2777
	Brust	0.0665	0.0808	0.8230	1.2151
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0539	0.0234	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0630	0.0978	0.6444	1.5518
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0324	1.3608	0.7348
	Gehirn	0.0554	0.1006	0.5510	1.8149
	Haematopoetisch	0.0454	0.0379	1.1998	0.8335
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0453	0.8403	1.1900
	Herz	0.0435	0.0825	0.5268	1.8981
15	Hoden	0.0575	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.1008	0.0552	1.8252	0.5479
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0997	0.5818	1.7188
	Muskel-Skelett	0.0976	0.0660	1.4797	0.6758
	Niere	0.0516	0.0890	0.5795	1.7255
20	Pankreas	0.0248	0.0773	0.3205	3.1200
	Penis	0.0599	0.1066	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0567	0.0766	0.7393	1.3527
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.1055	0.3841	2.6035
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0823			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1110			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0361
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0433
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0432
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1020
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0709
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0635
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0680
	Hoden	0.0463
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0351
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0464
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0345	0.0470	0.7350	1.3606	
Duenn darm	0.0399	0.1985	0.2008	4.9797	
Eierstock	0.0150	0.0676	0.2214	4.5168	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0878	0.2717	3.6805	
Gastrointestinal	0.0862	0.1064	0.8103	1.2341	10
Gehirn	0.0067	0.0277	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000	
Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0062	0.0164	0.3810	2.6245	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.3450	0.1120	8.9248	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef	
Niere	0.0760	0.1643	0.4626	2.1617	20
Pankreas	0.0677	0.0276	2.4530	0.4077	
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357	
Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0576				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.1068				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0319				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit.	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0813	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0309	
Placenta	0.0121	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0122	
Gastrointestinal	0.4149	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0573	
Nerven	0.0040	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0511	0.3051	3.2777
	Brust	0.0166	0.0320	0.5204	1.9216
	Duenn darm	0.0828	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0416	0.0720	13.8979
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.1226	0.0278	4.4178	0.2264
	Gehirn	0.0000	0.0123	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0481	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.1294	0.0000	undef
	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
15	Hoden	0.0000	0.1403	0.0000	undef
	Lunge	0.0447	0.1390	0.3213	3.1128
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0060	8.2810	0.1208
	Niere	0.0054	0.0685	0.0793	12.6097
20	Pankreas	0.0215	0.0166	1.2963	0.7714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0383	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0179	0.0207	0.8661	1.1546	
Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743	
Eierstock	0.0329	0.0156	2.1106	0.4738	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0326	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054	10
Gehirn	0.0296	0.0288	1.0285	0.9723	
Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241	
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0201	0.0550	0.3662	2.7306	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0218	0.0225	0.9699	1.0311	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0383	1.0084	0.9916	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0240	0.7139	1.4008	
Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603	20
Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235	1.9102	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0327	0.0319	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0260				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0313				
Haematopoetisch	0.0039				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0217				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0424				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0408				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0405				55
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0097				60
Hoden	0.0231				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0251				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1170	0.3067	0.3814	2.6222
	Brust	0.3019	0.2387	1.2646	0.7908
	Duenn darm	1.1559	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0676	0.1771	5.6460
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	1.2798	0.1804	7.0940	0.1410
	Gehirn	0.0007	0.0380	0.0195	51.3918
	Haematopoetisch	0.4785	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1322	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.4594	0.0621	16.0932
	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
15	Hoden	0.0000	0.2456	0.0000	undef
	Lunge	0.3625	0.3435	1.0554	0.9475
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.1533	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.2124	0.0480	4.4260	0.2259
	Niere	0.0163	0.1917	0.0850	11.7691
20	Pankreas	0.1074	0.4528	0.2371	4.2171
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0806	0.0255	3.1562	0.3168
	Uterus Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.3805			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.5175			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.7687
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1924
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0195	0.0486	0.4014 2.4911	5
Brust	0.0550	0.1297	0.4241 2.3580	
Duennndarm	0.0123	0.1654	0.0741 13.4866	
Eierstock	0.0449	0.0728	0.6167 1.6214	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309	
Gastrointestinal	0.0153	0.1018	0.1506 6.6398	10
Gehirn	0.0037	0.0359	0.1029 9.7228	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0404	0.0847	0.4765 2.0985	
Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824 1.1333	
Herz	0.0233	0.0825	0.2827 3.5374	15
Hoden	0.0460	0.0351	1.3119 0.7622	
Lunge	0.0551	0.0491	1.1219 0.8913	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0613	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.1148	0.3120	0.3679 2.7180	
Niere	0.0271	0.0137	1.9826 0.5044	20
Pankreas	0.0116	0.0884	0.1309 7.6408	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369 2.9678	
Prostata	0.0087	0.0319	0.2730 3.6634	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.1902	0.3206 3.1187	25
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0532			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.1809			
Gastrointestinal	0.1388			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0551			40
Haut	0.2513			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0605			
Lunge	0.1409			
Nebenniere	0.2535			
Niere	0.1235			45
Placenta	0.0364			
Prostata	0.0748			
Sinnesorgane	1.3934			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0304			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0315			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0518			60
Hoden	0.0231			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0083			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.1380	0.4520	2.2125
	Brust	0.0345	0.0564	0.6125	1.6327
	Duennndarm	0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock	0.0689	0.0520	1.3239	0.7553
	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0276	1.4202	0.7041
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0648	0.7100	1.4084
	Gehirn	0.0333	0.0678	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch	0.0374	0.0758	0.4940	2.0241
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
	Hepatisch	0.1142	0.0518	2.2059	0.4533
	Herz	0.0774	0.7010	0.1104	9.0616
15	Hoden	0.2589	0.1520	1.7030	0.5872
	Lunge	0.0540	0.0491	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseroehre	0.1256	0.2070	0.6069	1.6477
	Muskel-Skelett	0.1542	0.2100	0.7343	1.3619
	Niere	0.0109	0.0959	0.1133	8.8268
20	Pankreas	0.0198	0.1270	0.1561	6.4071
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0785	0.0511	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0679	0.6734	1.4851
25	Uterus_allgemein	0.0764	0.0954	0.8006	1.2490
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0624			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0529			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.3333
	Prostata	0.1995
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1156
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1873
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0541

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0585	0.1278	0.4576 2.1852	5
Brust	0.0742	0.0507	1.4619 0.6841	
Duennndarm	0.1134	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0659	0.0390	1.6885 0.5922	
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437 0.5424	
Gastrointestinal	0.0690	0.0694	0.9940 1.0060	10
Gehirn	0.0325	0.0893	0.3641 2.7464	
Haematopoetisch	0.0842	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0404	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.1855	0.0647	2.8677 0.3487	
Herz	0.0435	0.0962	0.4516 2.2145	15
Hoden	0.0230	0.0585	0.3936 2.5408	
Lunge	0.2275	0.1063	2.1396 0.4674	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.1993	0.2424 4.1252	
Muskel-Skelett	0.0857	0.0720	1.1898 0.8405	
Niere	0.0706	0.0274	2.5774 0.3880	20
Pankreas	0.0347	0.2927	0.1185 8.4367	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678	
Prostata	0.0458	0.0319	1.4331 0.6978	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0204	2.9927 0.3341	25
Uterus_allgemein	0.0917	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0416			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.1647			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.2497			
Zervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0916			
Gehirn	0.0500			
Haematopoetisch	0.0865			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0520			
Herz-Blutgefuesse	0.0178			
Lunge	0.0434			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0432			45
Placenta	0.1636			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.1156			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0354			55
Endokrines_Gewebe	0.0490			
Foetal	0.0571			
Gastrointestinal	0.0854			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0097			60
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0491			
Nerven	0.0562			
Prostata	0.0615			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.1957			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.1099	0.4967	2.0135
	Brust	0.0563	0.0489	1.1517	0.8683
	Duennndarm	0.1380	0.0331	4.1708	0.2398
	Eierstock	0.0599	0.0650	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1322	0.1804	0.7328	1.3647
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072	1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1689	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
15	Herz	0.1166	0.1649	0.7067	1.4150
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.1070	0.1329	0.8050	1.2422
	Magen-Speiseroehre	0.1450	0.0613	2.3635	0.4231
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0570	0.0753	0.7570	1.3210
	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108	9.0256
	Penis	0.0779	0.0267	2.9202	0.3424
	Prostata	0.0610	0.0255	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179	0.3427
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.1810			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.1802
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0274
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz s. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasentumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.54	Identisch zum humanen IgG aus V-D-J6 Region	202	202	
2	99.51	unbekannt	287	1926	unbekannt
3	99.2	unbekannt	196	762	unbekannt
4	98.58	unbekannt	295	918	unbekannt
5	97.43	unbekannt	303	1148	unbekannt
6	97.43	Identisch zum Kaposi Sarcoma-assoziierten Herpesvirus Glycoprotein M	173	2407	
7	95.29	Hyaluronectin (HN) ist ein Glykoprotein, dass Hyaluron bindet und oft in humanen Tumoren gefunden wird	204	1471	unbekannt
8	95.29	unbekannt	186	1732	unbekannt
9	95.29	unbekannt	197	989	unbekannt
10	91.23	unbekannt	150	150	unbekannt
11	91.23	unbekannt	286	1467	unbekannt
12	91.23	unbekannt	221	895	unbekannt
13	91.23	mitochondriales Enzym	223	467	Chromosom 7
14	91.23	Identisch zum humanen Collagen I (alpha-1 Kette)	198	511	
15	100	Identisch zum humanen Kerafin K7 (Typ II)	198	1899	
16	100	unbekannt	228	758	unbekannt
17	99.97	Identisch zum humanen Cofilin	123	302	
18	100	das H19 Gen wird nur vom maternalen Chromosom exprimiert und stellt möglicherweise ein Tumor-Suppressorgen dar	230	824	unbekannt
19	100	Identisch zum humanen IGF-2 Wachstumsfaktor	80	2190	
20	99.56	unbekannt	271	2565	unbekannt
21	99.26	Identisch zum humanen IgV-L (Klon VL 29-1)	227	461	
22	100	Identisch zum humanen H19	213	2096	
23	98.77	mitochondriales Enzym	203	1348	unbekannt
24	100	Identisch zum humanen Anti-Hepatitis A IgG Variable Region	209	358	
25	96.49	Identisch zum humanen Saposin	89	89	
26	94.05	Gen, dass durch IL6 induziert wird	229	1632	unbekannt
27	94.05	unbekannt	195	2972	unbekannt
28	100	Identisch zu Immunoglobulin M schwere Kette V Region	207	496	
29	100	Identisch zur cDNA, die die leichte Kette (variable Region)	212	397	
30	100	Identisch zur cDNA, die die humane Cytomegalovirus Antikörpers kodiert, der gegen das 65 kD Protein gerichtet ist	243	772	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
31	90.26	unbekannt	210	1031	unbekannt
32	90.26	mitochondriales Enzym	184	739	unbekannt
33	100	identisch zur Ig kappa leichten Kette variable Region D11.	89	651	
34	99.76	identisch zum humanen hsp27	197	823	
35	100	identisch zur Ig schweren Kettevariablen Region V(2-1) (v(h)-iv Familie).	231	457	
36	93.95	unbekannt	203	1203	unbekannt
37	93.95	identisch zur Immunoglobulin leichten Kette variable Region (lambda-IIb Untergruppe) von IgM Rheuma-bezogener Faktoren.	207	207	
38	100	identisch zu US-Patent	135	346	
39	100	identisch zu einer Immunoglobulin lambda leichten Kette (X57812)	237	926	
40	99.42	identisch zur humanen hPGI mRNA, die das "bone small proteoglycan I" kodiert	73	2384	
41	99.99	identisch zu patentierter Sequenz	194	334	
42	99.77	identisch zu patentierter Sequenz	98	845	
43	99.11	identisch zur CD24 "signal transducer mRNA"	178	2233	
44	97.85	identisch zur humanen Ig schweren Kette variablen Region (Klon M49)	242	243	
45	94.61	unbekannt	220	817	unbekannt
46	100	identisch zur Ig Alpha 1-Alpha 2m=Immunoglobulin A1-A2 lambda hybrid GAU schwere Kette (secreted alpha chain)	200	1644	
47	93.7	identisch zu Pro-alpha 2(I) collagen (COL1A2) Gen	262	1133	
48	99.54	identisch zu humanen NIC (Natural Inhibitor of Collagenase)	180	969	
49	99.28	identisch zur humanen Ferritin L Kette	104	617	
50	97.9	identisch zum humanen Calcyclin Gen (auch Prolactin-Rezeptor assoziiertes Protein)	210	704	

TABELLE II

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	2	128
		129
10		130
	3	131
		132
15		133
	4	134
		135
20		136
	5	137
		138
25		139
	7	140
		141
30		142
	8	143
	9	144
		145
35		146
	10	147
		148
40		149
	11	150
		151
45		152
	12	153
		154
50		155
	13	156
		157
		158
55	16	159
		160
60		161

65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
18	162	5
	163	
	164	
	165	10
20	166	
	167	
	168	15
23	169	
	170	
26	171	20
	172	
27	173	
31	174	25
32	175	
	176	
	177	30
36	178	
	179	
	180	35
45	181	
	182	
	183	40

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 51–106 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Blasentumorgewebe

5 (iii) Anzahl der Sequenzen: 106

(iv) COMPUTER READABLE FORM:
10 (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
20 (A) LÄNGE: 202 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1

tgagagtcacat ggacctcctg cacaagaaca tgaacacact gtggttcttc ctcctcctgg 60
50 tggcagctcc cagatgggtc ctgtcccagg tgcagctaca gcagtggggc gcaggactgt120
tgaagccttc ggagacctg tccctaacat gcgtgtcttc cggtagactct tccagtactt180
actactggga ttggatccgc ca 202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1926 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
60 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

ttgcatggc tggatggactg tggctctcta accaaaggac cctagcgggc tcaacaattg 60
tcaagagcag ttggtggttc tgaatacaat cctcagccaa ggatccctcc tgtgttacag 120
atggatcagc taaaacaagc caacactgaa gacacaaaga atgagggttag gttcattgaa 180
accagggttaa cacctgtgga tgagctaaac acaaagatga caatgacctt gtaccaggta 240
tagaagctca gagacatgcc tgcaaaatga aatccctgag gaattttgca gctaccacaga 300
gatacgtggt tcaaattaaa atgtctgacg gatcactcat ttgaggaaca gcacatcagc 360
ttcgcccttt acgtggacaa taggtttttt actttgacgg tgacaagtct ccacctgggtg 420
ttccagatgg gagtcatatt cccacaataa gcagccctta ctaagccgag agatgtcatt 480
cctgcaggca ggacctatag gcacgtgaag atttgaatga aagtacagtt ccatttggaa 540
gccagacat aggatgggtc agtgggcatg gctctattcc tattctcaaa ccatgccagt 600
ggcaacctgt gctcagtctg aagacaatgg acccacgtta ggtgtgacac gttcacataa 660
ctgtgcagca catgccggga gtgatcagtc agacatttta atttgaacca cgtatctctg 720
ggtagctaca aaattcctca gggatttcat tttgcaggca tgtctctgag cttctatacc 780
tgetcaaggt cagtgtcatc tttgtgttta gctcatccaa aggtgttacc ctggtttcaa 840
tgaacctaac ctctctctt gtgtcttcag tgttggttg ttttagctga tccatctgta 900
acacaggagg gatccttggc tgaggattgt atttcagaac caccaactgc tcttgacaat 960
tgtaaccgg ctaggctcct ttggttagag aagccacagt ccttcagcct ccaattgggtg1020
tcagtactta ggaagaccac agctagatgg acaaacagca ttgggaggcc ttagccctgc1080
tcctctcaat tccatcctgt agagaacagg agtcaggagc cgctggcagg agacagcatg1140
tcaccacagga ctctgccggg gcagaatatg aacaatgcc tgttcttgca gaaaacgctt1200
agcctgagtt tcataggagg taatcaccag acaactgcag aatgtagaac actgagcagg1260
acaactgacc tgtctccttc acatagtcca tatcaccaca aatcacacaa caaaaaggag1320
aagagatatt ttgggttcaa aaaaagtaaa aagataatgt agctgcattt ctttagttat1380
tttgaagccc caaatatttc ctcatctttt tgttgtgtgc atggatgggtg gtgacatgga1440
cttgtttata gaggacaggt cagctgtctg gctcagtgat ctacattctg aagttgtctg1500
aaaatgtctt catgattaaa ttcagcctaa acgttttgcc gggaacactg cagagacaat1560
gctgtgagtt tccaacctca gcccatctgc gggcagagaa ggtctagttt gtccatcacc1620
attatgatat caggactggg tacttggtta aggaggggtc taggagatct gtccctttta1680
gagacacctt acttataatg aagtacttgg gaaagtgggt ttcaagagta taaatatcct1740
gtatttcta gcatcctc taaacatttt atcatttatt aatcctccct gcctgtgtct1800
attattatat tcatatctct acgtgcaaa ctttctgcct caatgtttac tgtgcctttg1860
tttttgctag tgtgtgtgtg tgaaaaaaa aacattccct gcctaagtta gttttggca1920
agtatt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 762 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

20 ctccactgca accaccaga gccatggctc cccgaggctg catcgtagct gtctttgcca 60
 tttctgcat ctccaggctc ctctgctcac acggagcccc agtggecccc atgactcctt120
 acctgatgct gtgccagcca cacaagagat gtggggacaa gttctacgac cccctgcagc180
 actgttgcta tgatgatgcc gtcgtgccct tgccaggac ccagacgtgt ggaaactgca240
 ccttcagagt ctgctttgag cagtgtgcc cctggacctt catggtgaag ctgataaacc300
 25 agaactgca ctcagcccg accctggatg acaggctttg tcgcagtgtc agctaattgga360
 acatcagggg aacgatgact cctggattct ccttcctggg tgggcctgga gaaagaggct420
 ggtgttacct gagatctggg atgctgagt gctgtttggg ggccagagaa acacacactc480
 aactgccac ttcattctgt gacctgtctg aggcccaccc tggcgtgcc ctgaggaggc540
 ccacaggtec ccttctagaa ttctggacag catgagatgc gtgtgctgat gggggcccag600
 30 ggactctgaa ccctcctgat gaccctatg gccaacatca acccggcacc accccaaggc660
 tggctgggga acccttcacc cttctgtgag atttccatc atctcaagtt ctcttctatc720
 caggagcaaa gcacaggatc ataataaatt tatgtacttt aa 762

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 918 Basenpaare

40 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

65

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag ccttcccgt ccttgccttc aaagtgggtg 60
 tgccccaaagg tccgcctcca ggccacgtgg gtgctgcggg ccaagctttc ccttcctttg120
 agagaggttt ccgctgtagg agcagagctt ccgggctgct ctcttcgttg cccagtttcc180

```

gctcagtggt cgcgtctccg cccccaccc accagtcacg ctgcattctc ggcgggctc246
taggcgccat ggctccccgc gggaggaagc gtaaggctga ggccgctg gtggccgtag300
ccgagaagcg agagaagctg gcgaacggcg gggaggggaat ggaggaggcg accgttgta360
tcgagcattg cactagctga cgcgtctatg ggcgcaacgc cgcggccctg agccaggcgc420
tgcgccctga ggccccagag cttccagtaa aggtgaaccc gacgaagccc cggaggggcag480
cttcgaggtg acgctgctgc gcccggacgg cagcagtgcg gaactctgga ctgggattaa540
gaaggggccc ccacgcaaac tcaaattccc tgagcctcaa gaggtggtgg aagagttgaa600
gaagtacctg tcgtaggag atttgggtag aagccctcat gctgagcttt gtgtccctgg660
tgatgttgga acattaatga tggaaatgg ccaaacttca gtcattgatcc tgaagccatg720
gtttcttccc tgccagaaat gaaggttcag ttatgaggca accctctagt aaggcattgt780
aaaagtact ggatttggtt taataaaagt tgaaataaag taaaagaaaa aaaaaaaga840
gaaaaaagaa aaagaaaaaa agaaagaaga aaaaagaag gagaagcgag agaaaggag900
gccgcggggc gcggcggc 918

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1146 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

tcagtttagt ggcagggtgg ttttttaatt ttcttctgtg gctggatttt tgttgtttgt 60
ttaaataact cttctgggaa gttggtttat aagcctttgc cagggtgtaac tgttgtgaaa 120
taccaccac taaagttttt taagttccat atttctcca ttttgccctc ttatgtattt 180
tcaagattat tctgtgcact ttaaatttac ttaacttacc ataatgcag tgtgactttt 240
ccacacact ggattgtgag gctcttaact tcttaaaagt ataattggcat cttgtgaatc 300
ctataagcag tctttatgtc tottaacatt cacacctact ttttaaaaac aaatattatt 360
actattttta ttattgtttg tctttataa attttctta agattaagaa aatttaagac 420
ccattgagt tactgtaatg caattcaact ttgagttatc ttttaaatat gtcttgata 480
gttcattatc atggctgaaa cttgaccaca ctattgctga ttgtatggtt ttcacctgga 540
caccgtgtag aatgcttgat tacttgact cttcttatgc taatatgctc tgggctggag 600
aatgaaatc ctcaagccat caggatttgc tatttaagt gcttgacaac tgggccacca 660
aagaacttga acttcacctt ttaggattg agctgtctg gaacacattg ctgcactttg 720
gaaagtcaaa atcaagtgc agtggcgcc tttccataga gaatttgccc agctttgctt 780
taaaagatgt cttgtttttt atatacacat aatcaatagg tccaatctgc tctcaaggcc 840
ttggtcctgg tgggattcct tcaccaatta ctttaattaa aaatggctgc aactgtaaga 900
acccttgtct gatataattg caactatgct ccattttaca aatgtacctt ctaatgctca 960
gttgccagg tccaatgcaa aggtggcgtg gactccctt gtgtgggtgg ggtttgtggg1020
tagtggtgaa ggaccgatat cagaaaaatg cttcaagtg tactaattta ttaataaaca1080

```


ttaggtgttt gttaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaazag; ggtgggtsgt gttggtgtall140
ttggtt 1146

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

35
gagtgagtga gtgtgttgca tcgaattaag gactcttgaa gagaagagag gtccattcag 60
ggttgtccag attgaagtga ggtctcacgg tgaaaagaaa aggaaaatat tcagactctc 120
ttgaaatcca aagagcaaga agtaaatgaa cttctgcaaa aattccagca agctcaggaa 180
40 gaacttgacag aatgaaaaag atactctgag agctcttcaa aactggagga agataaagat 240
aaaaagataa atgagatgtc gaaggaagtc accaaattga aggaggcctt gaacagcctc 300
tcccagctct cctactcaac aagctcatcc aaaaggcaga gtcagcagct ggaggcgctg 360
cagcagcaag tcaaacagct ccagaaccag ctggcggaat gcaagaaaca acaccaggag 420
gtcatatcag ttacagaat gcactcttg tatgctgtgc agggccagat ggatgaagat 480
45 gtccagaaag tactgaagca aatccttacc atgtgtaaaa accagtctca aaagaagtaa 540
agtggattcc ttggcaggac actgcccctt gtcactctgc tttgtgttag atccagagtt 600
gtcggcagcc gctgccattg ttctcattcg ttggtatgcac tgtggcctag cgtagtctt 660
ccctttccaa aggtttctga ggacttctcc caggagaaga ctgcccgcct cagaactgct 720
tagagacttc aaaccagcag aggtgaaagt ccctgtcatc ccttcagatt ccagagctgg 780
50 gatcagccat gccagaggt ctggtcctga tgctggcagg ggggccccct cctccatccc 840
tgactggctg agtggcttta tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctct gcagtgaatg 900
ctccttccat tcctgtactc gggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt 960
ggctttcaat tccaaaacat gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga1020
55 agtatctgct taaaaccctt catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg1080
ttttcttccc atctgcctta tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga1140
gcactattaa ctaaaatatg aaacttaaaa acaaaagcaa gttgtcctta aaagtcttt1200
ttttaagtaa attgttgaca tactgcaaat tttctatgca aacttgctc ctgctgttat1260
ctgtgaagct caggaaatcc aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgt1320
60 tacagccaaa agaaatgcct catagtcttt aacctcaact tttgtagaag tatttttttc1380
tctgtaatat ttttattggc tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga1440
aattacagta gattatatta acaaaatact ttttaggtag ccattgcttga gactttttaa1500
aaatataact ttttctttaa agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac1560
ctaatatgag ctgccaccaa caccctaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgt1620
65 gcgcatttct gaactagca aatcctcctt ttaccctgtg aatgttttga atgccctgac1680
tctaccagcg ccataaatg atctctagaa ggactgttag taccaatctg tttttcaact1740
ttgaagctaa aaaccctgat atggtaatat tatggtgcat agcagaggtc tcggaaaaaa1800
aatatttctg ttcactttac tttcaggtta aaaatgtttc taacacgctt gcaacttccc1860

ttatggcatt aatcttgttg agggagagag acagaatcct ggactctcca aagtatttaa 1920
 ctgaaagtag ggctgtctct gacagggccc atgtccaca aggcctjcttg gcctcagtyg 1930
 gtgcttggtc gtgctggatg atatgttgat ctgtattgga taaggaccaa tgacagcaaa 2040
 gcaaaaatgg ctttaaagct tgggtttact tttcttaagt tgtttaatta tagttaagca 2100
 atttcaaaaa tgctccaaag aatgtgaaa ggaccttttg tcacagcact tcagaaaaata 2160
 cacaacagcc ccttctgccc ccgcacagaa atgctgcaga gtatataaaa cttgagacat 2220
 tttttagga tgctgcaga ggtgtagcct tttatcttgt ttccggatgc atatttatta 2280
 cgagtactct ggttaaatat tgaaaagtta tatgctgtag ttttttagtat tttgtctttg 2340
 taatttacag aagtatttgg agaaaataaa cttgtttcat tttgcaaaaa aaaaaaaaaa 2400
 atgaaaa 2407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1471 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

ctcggtgcaac ccggcggtc ctgcagcgtt ggtcggtgtg tgggtgtgga gtttccagc 60
 gcccctcggg tccgacctt tgagcgttct gctccggcgc cagctacctc gctcctcggc 120
 gccatgacca caaccaccac cttcaaggga gtcgaccca acagcaggaa tagctcccga 180
 gttttcgccg ctcaggttg tggtccaat ttttcattag gttttgatga accaacagaa 240
 caacctgtga ggaagaacaa aatggcctct aatatctttg ggacacctga agaaaatcaa 300
 gcttcttggg ccaagtcagc aggtgccaa gctagtgttg gcagggaaga cttggagtca 360
 tctggactgc agagaaggaa ctctctgaa gcaagctccg gagacttctt agatctgaag 420
 ggagaagggtg atattcatga aatgtggac acagacttgc caggcagcct ggggcagagt 480
 gaagagaagc ccgtgcctgc tgcgcctgtg cccagcccgg tggccccggc cccagtgcc 540
 tccagaagaa atccccctgg cggcaagtcc agcctcgtct tgggttagct ctgactgtcc 600
 tgaacgtgtg cgttctgtct gtttctcca tgcttgtaa ctgcacaact tgagcctgac 660
 tgtacatctc ttggatttgb ttcattaaaa agaagcactt tatgtactgc tgtctttttt 720
 ttttttcttt tgaagaacag gtttctctct gtccttgact cttgggtctg tgggcatgg 780
 catgagtgtt ttctagtagt agattggagg gaaagctttg tgacacttag tactgtgttt 840
 ttaagaagaa ataatttggg tccagatgtg ttagaggatc ttttgtactg aggtttttta 900
 cactttactt gggtttacca agcctcaact ggacagacca taaacagtcc acaggcaccg 960
 ttctgccag gccccaaccc acagggagtc tctccgcaga gccttcttgg tgttgcccta 1020
 acttgccagt ggcttttgc cagagcctcc tctgtgaca tgtgaacaa gaagaggcct 1080
 gcgcctcctg ccttgccgcc tgcaaagcaa agaaactgcc ttttatTTTT taaccttaaa 1140
 aagtagccag atagtaacaa gactggctgg ctgatgagca aagcctttgc tctcacgcag 1200
 aggaaggctt ggatgtacaa tgaaactgcc tggaactaaa agcagtgaag caaggaggc 1260
 aatcacactg aagcgggtct tctccagga acgggggtcc acaggcgtgt tgttttaaat 1320
 aacctgatgc tgtgtgcatg atgctgggtg ttgacctga aaggaaagtc tcactcttaa 1380

aatgtgttgt acttcacaat cctggactgt tgcctcaagt aaacatatc cacattttgal1440
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1471

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1732 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

gcagaaccta cgctgacgg gcccgcggc ggctgagccg cgctgcgcag cgacgcggga 60
 atgaagcggg cgctgggcag gcgaaagggc gtgtggttgc gcctgaggaa gatacttttc 120
 tgtgttttgg ggttgtacat tgccattcca tttctcatca aactatgtcc tggaatacag 180
 gccaaactga ttttcttgaa tttcgtgaaga gttccctatt tcattgattt gaaaaaacca 240
 caggatcaag gtttgaatca cacgtgtaac tactacctgc agccagagga agacgtgacc 300
 attggagtct ggcacaccgt ccctgcagtc tgggtgaaga acgccaagg caaagaccag 360
 atgtggtatg aggatgcctt ggcttcacgc caccctatca ttctgtacct gcatgggaac 420
 gcaggtagca gaggaggcga ccaccgcgtg gagctttaca aggtgctgag ttcccttggg 480
 taccatgtgg tcacctttga ctacagaggt tggggtgact cagtgggaac gccatctgag 540
 cggggcatga cctatgacgc actccacgtt tttgactgga tcaaagcaag aagtggtagc 600
 aaccccggtg acatctgggg ccactctctg ggcactggcg tggcgacaaa tctggtgcgg 660
 cgctctctgt agcgagagac gcctccagat gcccttatat tggaatctcc attcactaat 720
 atccgtgaag aagctaagag ccattccattt tcagtatat atcgatactt ccctgggttt 780
 gactggttct tccttgatcc tattacaagt agtgaatta aatttgcaa tgatgaaac 840
 gtgaagcaca tctcctgtcc cctgtctatc ctgcacgctg aggacgacct ggtggtgccc 900
 ttccagcttg gcagaaagct ctatagcacc gccgcaccag ctggaagctt ccgagatttc 960
 aaagttcagt ttgtgccctt tcattcagac cttggctaca ggcacaaata catttacaag 1020
 agccctgagc tgccacggat actgaggga ttctgggga agtcggagcc tgagcaccag 1080
 cactgagcct ggccgtggga aggaagcatg aagacctctg ccctcctccc gtttccctcc 1140
 agtcagcagc ccggtatcct gaagccccgg ggggccggca cctgcaatgc tcaggagccc 1200
 agctcgacc tggagagcac ctcatatccc aggcggggag gccctgcag gcctgcagt 1260
 cccggaggcc tgagcatggc tgtgtgaaa gcgtgggtgg caggcatgtg gctctccttg 1320
 ccgcccctoa acctgagatc ttgttgggag acttaattggc agcaggcagc catcactgcc 1380
 tggttgatgc tgcactgagc tggacagggg gagtccgggc aggggactct tggggctcgg 1440
 gaccatgctg agctttttgg caccacccac agagaacgtg ggggtccagg tctttctgca 1500
 ccttccagc acatgcagaa tgactccagt ggttccatcg tccctcctg ccctgtgtac 1560
 ctgcttgcc ttctcagctg cccacacct cctgggctgg ccactcacc cacagtggaa 1620
 gtgcccggga tctgcacttc ctccccttc acctacctgt acacctaac tggccttaga 1680
 ctgagcttta tttaagaata aaatcgtggt ggtggtcaaa aagacactct gc 1732

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 989 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

cggctcgagc gtgatcgctg actcagctga ccctgcgagg ccggaaaaag aaattcccgg 60
gccctggctt cttggcgcca tgaggttccg gttctgtggt gatctggact gtcccgactg120
ggtcctggca gaaatcagca cgctggccaa gatgtcctct gtgaagttgc ggctgctctg180
caccaggtac taaaggagct gctgggacag gggattgatt atgagaagat cctgaagctc240
acggctgacg ccaagtttga gtcaggcgat gtgaaggcca cagtggcagt gctgagtttc300
atcctctcca gtgcggccaa gcacagtgtc gatggcgaat ccttgtccag tgaactgcag360
cagctggggc tgcccaaaga gcacgcggcc agcctgtgcc gctgttatga ggagaagcaa420
agccccttgc agaagcactt gcgggtctgc agcctacgca tgaataggtt ggcaggtgtg480
ggctggcggg tggactacac cctgagctcc agcctgtctc aatccgtgga agagcccatg540
gtgcacctgc ggtctggagg ggcagctgcc ccagggaccc cagcccagcc tgttgccatg600
tcctctctcag cagacaagtt ccaggctctc ctggcagaac tgaagcaggc ccagaccctg660
atgagctccc tgggctgagg agaagggtgt tccaggcctg tgtggagccg ccctgccctg720
atggagtac gccctctgaa ctgctcttcg ggaggcagcc ctggttctag gatgctgagg780
ccctggccc gactctggcc tcccagatcc ccagctgcct cacttctctc ttgagaactt840
ggctcagggc tcctgaggac ctttcccagc attaccttcc cttcccttga aaggcaattg900
ttggctgttt tcataagcag gaaaaataaa cagaagtata aaagagaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 150 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

15
atatttatgaa gttgaaaaat agctcacttt aaagctagtt ttgaagacgt gcagctgtga 60
cttgggtctg gttgggggtg ttgtgttttg agtcagccgt tttcactccc actgagggtg120
tcagaacatg cagattgctt cgattttctc 150

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1467 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

55 cgaggaccgg ccttgcgagc ggcgacgact ataaaatggc gcgtgctgca acccgcgccc 60
gcttcggaga gagaaatgct ggggtgcagc ttcaagctta ggaccaccca ccatgcctat 120
ccagggtgctg aagggcctga ccatcactca ttaagaacag aggaggctgc ctgttactcc 180
tggtgttgca tccctccaga cactctgctg tttcctgcct aggcgtggct gcagccatgg 240
ctaggaaagc gctgccaccc acccacctgg gccagagctg gttctgctcc tgctgcaggg 300
60 aactgagct ggctatctcg gcgcttcggg caagaactgc aacaggctct cctgggtcct 360
gcagggtgtac agccggggccc ctgccttgct cctcagctct cgagagctgc tgctgccggg 420
tgacctgatc caacctgata aggtgccatc ttcagctacc actgcaaggc cctgagggca 480
acagcagcac ggcactgcc acccggtgc tgatggcctg gtgccagctg ggagtcctcc 540
cggcacttcg agggcactga gccacccttc cagccccagc ccaccatgga caggggtatc 600
65 cagcttctc ctcaacctcg tcctctgccc ctgagccagt gacgccaag gacatgcctg 660
ttaccaggt cctgtaccag cactagctgg tcaagggcat gacagtctg gaggccgtct 720
tgagatcca ggccatcact ggcagcaggc tgctctccat ggtgccaggg cccgccagc 780
caccaggctc atgctgggac ccaaccagtc gcacaaggac ttggctgctg agccacacac 840

ccaggagaag gtggataagt gggctaccaa gggcttcctg caggctagcg gaggaaccac 900
 ccccgcttcc ctattgtgac caggcctatg gggaggagct gtccatagc caccgtgaga 960
 cctgggcctg gctctcaagg acagacaccg cctggcctgg tgctccaggg gtgaagcagg1020
 ccagaatcct gggggagctg ctccctgggtt gagctgcatt cagggaagtgc gggacatggt1080 5
 aggggaggca aaaagccttg ggcactaccc tccctgtgga gctgttcggt gtccgtcgag1140
 cttagccacac cctgacacca tgttcaaggg taccggaaga gaagggtgtc tgccccaac1200
 ctccctgtg ggtgtcactg gccagatgtc atgagggaag caggccttgt gagtggacac1260
 tgaccatgag tccctggggg gagtgtatcc ccaggcatcg tgtgccatgt tgcacttctg1320
 cccaggcagc aggggtgggtg ggtaccatgg gtgcccacc ctccaccaca tggggccca1380 10
 aagcactgca ggccaagcag ggcaaccaca cacccttgac ataaaagcat cttgaagctt1440
 ttaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaataa 1467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12: 15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 895 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure 20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12 45

ctcagagccgc tcgagaacct cacttcctta ctctccaaa aagaagtggg gaaagaacca 60
 tcaaaccttt cctcctgact taccaaacca ggaaaacagc aggagagggg ggctcaggac120
 ttagggacag ggtatagctt agatggtgga aagcaaagga gagcaggaag ttgtaaatca180
 ctgggctaag agaaaaggag acagctaact ctaggatgaa gctgtgacta ggctggagtt240
 gcttccttga agatgggact ccttgggtat caagacctat gccacatcac actggggcta300 50
 ggggaagtagg tgatgccagc cctcaagtct gtcttcagcc agggacttga gaagttatat360
 tgggcagtgg ctccaatctg tggaccagta ttccagcttt ccctgaagat caggcagggg420
 gccattcatt gtctttctct cctagccccc tcaggaaaga aggactatat ttgtactgta480
 ccctaggggt tctggaaggg aaaacatgga atcaggattc tatagactga taggccctat540
 ccacaagggc catgactggg aaaaggtatg ggagcagaag gagaattggg attttagggg600 55
 gcagtacgct caccctaaao ttttggtggc ctggggcatg tcttgaggcc cagactgtta660
 agcaggctct gctggcctgt ttactcgtca ccacctctgc acctgctgtc ttgagactcc720
 atccagcccc aggcacgcca cctgctcctg agcctccact atctccctgt gacgggtgaa780
 cttcgtgtac tgtgtctcgg gtccatata gaattgtgag cagggttcat ctattttaaa840 60
 cacagatggt tacaaaaata agattatttc aaaccaaaaa gaaaaaaaaa aaaaa 895

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13: 65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einz I
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

30

```
accagcagc cctcgcgcg tccggcacag cggacaccag gactccaaaa tggcgctcagt 60
tgtaccagtg aaggacaaga aacttctgga ggtcaaactg ggggagctgc caagctggat120
cttgatgcgg gacttcagtc ctagtggcat tttcggagcg tttcaaagag gttactaccg180
gtactacaac aagtacatca atgtgaagaa ggggagcatc tgggggatta ccatggtgct240
ggcatgctac gtgctcttta gctactcctt ttctacaag catctcaagc acgagcggct300
ccgcaaatac cactgaagag gacacactct gcaccccccc accccacgac cttggcccga360
gcccctccgt gaggaacaca atctcaatcg ttgctgaatc ctttcatatc ctaataggaa420
ttaacctcca aataaaacat gactggtacg tgtaaaaaaa aaaaaaa 467
```

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 511 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

actagttcta gatcgcgagc ggccgccctt tttgttcaaa gtctatTTTT attctctttt 60
 tctttttttt tttttgtgg atggggactt gtgaattttt ctaaagggtgc tatttaacat120
 gggaggagag cgtgtgcggc tccagccag cccgctgctc actttccacc ctctctccac180
 ctgctcttgg cttctcagge ctctgctctc cgacctctct cctctgaaac cctcctccac240 5
 agctgcagcc catctccccg ggcctctct agtctgtcct gcgtcctctg tccccgggtt300
 tcagagacaa cttcccaaag cacaaagcag tttttccccc taggggtggg aggaagcaaa360
 agactctgta cctattttgt atgtgtataa taatttgaga tgtttttaat tattttgatt420
 gctggaataa agcatgtgga aatgaccca aacataaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa480 10
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

tctccaccct ccccttctctt ctttcttttt ccccttcttg cacgtggatc actcaggcct 60
 cagaatgagg ctgctttatt ggaagctatt ctgacatcac ttccagact gtctcactgt 120
 cttgggacca ggcattggag gcaggggttg gaattctctt gtgattgttg gtggtggctg 180
 gaggagtgga gtggtgggag gcggctcagt cgcgggcact cctgcgactg gcggatgcgg 240
 tccggatgga ataagccttc aggagcccag gacccgcact gctggagaag ctcaggggcat 300
 tgctgcccct ggttcccccg agggtcagcc caatgccacc gccactgcta ctgccaccag 360
 tggaattcat cacagagata ttacaggctc ccaactccatc tccagccaac cggtctcct 420
 cgccctccag cagcttgccg taggtggcga tctcgatgtc cagggccagc ttcacgctca 480
 tgagttcctg gtactcacgc agctgccgtg ccatatcctg cttggcccgc tgcaggggcg 540
 cttccagctc ctctgcttg gcacgagcat ccttgagcgc cagctcccca cgctcctcag 600
 cctcggcaat ggccgctcc aacttggcac gctggttctt gatgttgctg atctcagcct 660
 gcagcctctg gatggcccgg ttcatctctg aaatctcatt ccgggtattc cggaggctcg 720
 ccccatgctt cccagcctgg gcctggaggg tctcaaactt ggtctggtac caggcttcag 780
 cctcagcccg gctgcatttg gccatctcct catactgcgc cttgacctca gcgatgatgc 840
 cgtccaggtc cagggagcga ctgttgcca tggacagcac cacagatgtg tcggagatct 900
 gggactgcag ctctgtcaac tccgtctcat tgagggtcct gaggaagttg atctcatcat 960
 tcagggcac cacttggcc tccagctcca ccttgctcat gtaggcagca tccacatcct1020
 tcttcagcac cacaaactca ttctcagcag ctgtgcggcg gtttaatttca tcttcgtaact1080
 tattcttgaa gtcctccacc acatcctgcc atctccgcag ctccgcctcc aggcggcccc1140 65
 catccacctg cagtgcctca agctgacccc gaaggccagc aatctgggccc tcaaagatgt1200
 ctgggaggcg gctgctcttg gccgacttct gctcctgcag cagcgtccac ttggtctcca1260

gcagcttggt ctgctgctcc agaaaccgca ccttytcgat gaagwagga aacttyttgt 1320
 tgagggtcct gatctgctcg ctctcctcct ggcgacccg clggaggag gggtcggcgt 1380
 ccagccgcag cggggccagc aggcctctgt taatggtag ctgcggatg ccggcgccca 1440
 5 ccggggcccc ataggcagag cgcacggcca cgcgcggccg tgaggcgccg aggcctaga 1500
 ggctgctgct gccaaaggcc cggggcgag cggagctcag gcgcacctg gcgcccgcc 1560
 ccgagaaggg ggctgagcgc gaggtgaata cggggagct gaagtggat gacatggagg 1620
 ctgggcccgg atggacctag cggcgggcga ggaggagcgc gactcgctg acctcgggga 1680
 cactccgcac cttttatccg cgggagccgg tgctgggctt ccacaggtag gggcggggct 1740
 10 ggccgcgggc accgtttctc tgctgcagg cccctcctgc gcgtccgtcc gccctctgcc 1800
 cggccgcccc gccgaagccc aggccttcag tccaagcagg gatggtccgg agtaggcagg 1860
 agcgccatcc ctagacggcc gcagagaaca gcgggggac 1899

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 758 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

45 cggtcgcagc ggctcgagg gcaagaagaa catcacgtgc tgtgacaccg acttgtgcaa 60
 cgccagcggg gcccatgccc tgcagccggc tgccgccatc cttgcgctgc tccctgcact 120
 cggcctgctg ctctggggac cgggccagct ataggctctg gggggccccg ctgcagccca 180
 50 cactgggtgt ggtgccccag gcctctgtgc cactcctcac agacctggcc cagtgggagc 240
 ctgtcctggt tcctgaggca cctcctaacg caagtctgac catgtatgtc tgcaccttg 300
 tgccccacc tgacctccc atggcctct ctaggactcc caccggcag atcagctcta 360
 gtgacacaga tccgctgca gatggccctt ccaacctct ctgctgctgt ttccatggcc 420
 cagcattctc cacccttaac cctgtgtca ggcacctct cccccaggaa gccttcctg 480
 55 cccaccccat ctatgacttg agccaggtct ggtccgtggt gtccccgca ccagcaggg 540
 gacaggcact caggaggcc cagtaaaggc tgagatgaag tggactgagt agaactggag 600
 gacaagagtc gacgtgagtc cctgggagtc tccagagatg gggcctggag gcctggagga 660
 aggggccagg cctcacattc gtggggctcc ctgaatggca gcctgagcac agcgtaggcc 720
 60 cttataaac acctgttga taagccaaaa aaaaaaa 758

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

cggctcgacg gtctcgagat caagcatgaa ttgcaagcaa actgctacga ggaggtcaag 60
gaccgctgca ccctggcaga gaagctgggg ggcagtgccg tcatctccct ggagggcaag120
cctttgtgag cccctttctg cgcccccttg cctgggagca tctgggcagg cccaacacc180
ttgccctttg ggggtttgca gggctcgccc cctttcctgg ccagaaccgg gagggggctg240
gggggggatt ccagggcagg gggggagggg ccaattccct tttcaacccc caggttgggc300
ca                                     302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 824 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

ggcgaggaca gaggagcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcgg 60
caagaagcgg gtctgtttct ttacttcctc cacggagtcg gcacactatg gctgcccctg120

```

ggctcccaga acccacaaca tgaaagaaat ggtgctaccc agctcaagnc tgggcctttg180
 aatccggaca caaaaccctc tagcttgga atgaatagc tgcacttta2 aaccactgca210
 ctacctgact caggaatcgg ctctggaagg tgaagctaga ggaaccagac ctcacagacc300
 5 caacatcaaa gacaccatcg gaacagcagc gcccgagca cccaccccg accggcgact360
 ccattcttcat ggcaccccc tgcggcgagc ggttgaccac cagccaccac atcatcccag420
 agctgagctc ctccagcggg atgacgcgt cccaccacc tccctcttct tctttttcat480
 ccttctgtct ctttgtttct gagctttcct gtctttcctt ttttctgaga gattcaaaagc540
 ctccacgact ctgtttcccc cgtcccttct gaatttaatt tgcactaagt catttgact600
 10 ggttgagatt gtggagacgg ccttgagtct cagtacgagt gtgcgtgagt gtgagccacc660
 ttggcaagt cctgtgcagg gcccgccgc cctccatctg ggccgggtga ctgggggcc720
 ggctgtgtgc ccgaaggcct caccctggcc cttcggcctt agtctgggaa ggttccgaac780
 cgaacatcaa gggaggcaag cctttcaagg catttccatt aatt 824

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2190 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttcatgact ttttaatgctt 60
 50 tattgggatt gcaagcgtaa caagggttaa gacaaaaccc aagcatggga ttttgccgga 120
 aatattagcg ttaaaggagc tgagttgagt caaacacggg ccgcaagggt gaccgagggc 180
 gcaggcacag gtgacattca gtgtttggcg tgggggtcct caggtgatgg cagaggaggg 240
 gacccaagag ggggcccccc actgaagaca ttggggacac ggggaggaga caagatggag 300
 55 agccacgact aggcacggag gtcagacagg cagcccgggc caggatggtt agtggcccag 360
 gggagagctg caaacctggg gacgcaaggg gctggtcggc aagtgcctcc ggaacacccc 420
 actccggcga ggcagaatat aacactgggt ggggtgggtg cctgacgaat gggcaggtaa 480
 tttgggggtg ctggaagcgt tttggatctc agccaatgt gggttccaca attgtgacaa 540
 tttggctctt tgggcttctg tccaatgttc cgaatggccc actcacaggg cgcttgccga 600
 60 gggaccctct gcgacgctcg agctcgagcc gaaatgaggg aacccccaaa tttcatgtca 660
 attgatctat tccccctctt tgtttcttgg ggcagttttt tttttacccc tccttagctt 720
 tatgcgctca gaaaccaa ataaaccccc ccccatgtaa caggggggca gtgacaaaag 780
 caagaacgca cgaagccagc ctggagacca ccacgtcctg ccccccgcca tttatgcgcc 840
 tgattggatt ttgtttttca tctgtccctg ttgcttgggt tgagttgagg gtggagccct 900
 65 ctggggggca ctggccactg agcccccttg gagaagtcag aggggagtg agaagccac 960
 tgtccggcct ggcttctggg gacagtggct ggtccccaga agtcctgagg gcggaggggg 1020
 gggttgggca ggggtctctc aggtgtcagg aggtgtctcg gaggccacag gagggggctc 1080
 ctggctggcc tgaggctggc cggaggggaa ggggctagca ggtgtgtaaa cagaggggtc 1140

```

catcaggctg gggcagggtg gccgccttcc gcacacttga ggaacccttc cccctccctc1201
ggtgacatct tgcccgcgcc tcagcaccct gccttgrctc caggaggtcc gaagctctgt1260
gggacctctt gggggcaagg tggggtgagg ccggggagta gggaggtcag gcgggtctga1320
gccacagag caggagagct gccaggctctg cccatcgacc aggttgcttg ggccccggag1380
cccacgggtc tggatgatgc atagcagcca ccaccgcgc gcctagggtc gcggcaggga1440
ctcgccctct gggagggtta cctgcgcgcc acttggtgcc ccagctcagc cccctgcac1500
gcagcccgac tagcagtcta gaggcctgag gcttctgggt cctggtgacg gggctggcat1560
gaccccgggg gtcgtccatg ccagtcgcgc tcagtcgcag agggctccctc ggcaagcgcc1620
ctgtgagtgg gccattcgga acattggaca gaagcccaaa gagccaaatt gtcacaattg1680
tggaaaccac attggcctga gatccaaaac gcttcgaggc accccaaatt acctgccc1740
tcgtcaggac acccaccac ccagtggtat attctgcctc gccggagtgg gtgttcccgg1800
gggcaacttg cgaccagccc cttgcgtccc caggtttgca gctctccctc gggccactaa1860
ccatccctgc ccgggtgccc tgtctgacct ccgtgcctag tcgtggctct ccatcttgtc1920
tctcccccgt gtcccaatg tcttcagtgg ggggccccct cttgggtccc ctctctgcc1980
atcacctgaa gacccccacg ccaaactg aatgtcacct gtgcctgccg cctcggtcca2040
ccttgccggc cgtgtttgac tcaactcagc tcctttaacg ctaatatttc cggcaaaatc2100
ccatgcttgg gttttgtctt taaccttgta acgcttgcaa tcccaataaa gcattaaaag2160
tcatgaaatt caaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2565 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

ctccccacc tgtggccgc aagccgtctg tgggagtccc ggaccccgcc tccccagtt 60
accctcgagc tgagccctt actgctcctc ccaccaatgg gctccctcac acccaggaca 120
ggactaagag ggagctggcg gagaatggag gtgtcctgca gctgggtgggc ccagaggaga 180
agatgggcct cccgggtca gactcacaga aagagctggc ctgaccacca ggcacctcac 240
tggcactgct gacccatccc agaaacacaa tctcaggac ccgagcagct ccaaggacga 300
gaggatacag cagacacaac ctaatagaga gggcgctgc agccttaacc tccacggcct 360
tcgatactta tgcaagcctg gtgttgctcc tgtcctcaga gtcacctgc gctcatgct 420
tttcccgaaat gggttcacct ctggcagttg ccgcttcagt cttggcctta gctcatctt 480
gaagtgggta gctggcgga gaggggtgct gcgccccctg ctggccctga ggctgcagag 540
ttgggagcag gacacctcac ctgagtttca ttttttttca tgtccaaacc atgcacatac 600
tatagtccag aatcaaagca cttttgaaaa gtggctgcat ggccatcctc cagggcccag 660
gaagttgcat tccaaggggc tgtttacatg gcagcagaat ccatccccgg cagtcagccc 720
atagcttggg accagtctgt gccctcctgc ccagtcagct ttactcctct tggttcctga 780
aggtggccaa gtcatttgtt tcccacaggc ttctctaggc tgggggcagg tgtggggctg 840

```

```

tgggaattcca aagcacaaaa ggtgcagagg ggarrggcct tcctgtgcct caactcacca 900
accaccctcc tgccttccag ttctgccagg tgctccatgc tggggacaag taggagactg 960
ccaggggccca aagaaatggg tgagcagtag agtcatctcg gggcacttgg cagtgtcaag1020
5 cacctgcccc ttgcctcctt gaccacactg ggggtgggtgg gccccagca cttcagaggc1080
aggagccttt gggctgagca agcactgagg aggtggatgg aaggagcat ctggaggggg1140
ggagcttcct tgagcagtgg gccaggcct ggccctccac acttcattct ctgacctttc1200
tctctcctca ttccgggtga tgtcctttct gcagctgcct ttcagcacag gtggttccac1260
tgggggcagc taacgctgag tgacaaggat gggaagccac aggtgcattt tactcaagtc1320
10 ttctctagtc aatgaggggc acccagtgtc tctagggcag gctgggtggg ggtcccctag1380
gtatcagcct ctcttactgt actctccggg aatgttaacc tttctatttt cagcctgtgc1440
cacctgtcta ggcaagctgg cttccccatt ggccctgtg ggtccacagc agcgtggctg1500
ccccccaggg ccaccgcttc tttcttgatc ctctttcctt aacagtgaact tgggcttgag1560
tctggcaagg aaccttgctt ttagcttcac caccaaggag agaggttgac atgacctccc1620
15 cgccccctca ccaaggctgg gaacagaggg gatgtggtga gagecagggt cctctggccc1680
tctccagggt gttttccact agtcaactact gtcttctcct tgtagctaata caatcaatat1740
tcttcccttg cctgtgggca gtggagagtg ctgctgggtg tacgctgcac ctgcccactg1800
agtgggggaa agaggataat cagtgagcac tgttctgctc agagctcctg atctaccca1860
20 ccccctagga tccaggactg ggtcaaagct gcatgaaacc aggccctggc agcaacctgg1920
gaatggctgg aggtgggaga gaacctgact tctctttccc tctccctcct ccaacattac1980
tggaactcta tctgttagg atcttctgag cttgtttccc tgctgggtgg gacagaggac2040
aaaggagaag ggaggggtcta gaagaggcag cccttctttg tctctgggg taaatgagct2100
tgacctagag taaatggaga gaccaaaagc ctctgatttt taatttccat aaaatgtag2160
25 aagtatatat atacatatat atatttcttt aaatttttga gtctttgata tgtctaaaaa2220
tccattccct ctgccctgaa gcctgagtga gacacatgaa gaaaactgtg tttcatttaa2280
agatgttaat taaatgattg aaacttgaaa aaggctactg cttcttaatg ttggggggac2340
agggcagtgg tctgggccca catttagaag ggaaaatgtt ttgctgctg cacacattgg2400
accaagtat gggcctcttc tgcttagtac tgccaaaggg actgttaagg tgtctgttcc2460
30 atcttctacc cccaccccc cattacaggg taaagggaac ccagactag gtgagggggc2520
agcagctgcc tcacacttgt gttctctcct gagatggtcc agctt 2565

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

65 gttcctccct agcggtcgc tcagaagcag agttctgggg tgtctccacc atggcctgga 60
 cccctctctg gctcactctc ctcaactctt gcataggttc tgtggtttct tctgagctga120
 ctcaggaccc tgctgtgtct gtggccttgg gacagacagt caggatcaca tgccaaggag180

acagcctcag aagctattat gcaagctggt accagcagaa gccaggagag gccctgtac240
 ttgtcatcta tggtaaaaac aaccggccct caggatccc agacagattc tctggctcca300
 gctcaggaaa cacagcttcc ttgacctca ctggggctca ggcggaagat gaggtgact360
 attacttgta aactccccgg gacagcaagt gggtaaccaa tgtgggtatt ccggcgggag420
 ggaccaagc ttgaccggtt ctttaaggtca gcccaaaggg c 461

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2096 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(II) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

atcccgggtca cttttgggtta caggacgtgg cagctggttg gacgagggga gctggtgggc 60
 aggggtttgat cccagggcct gggcaacgga ggtgtagctg gcagcagcgg gcaggtgagg 120
 accccatctg ccgggcaggt ggtcccttc cctcccagg cctcgcttcc ccagccttct 180
 gaaagaagga ggttttaggg atcgagggtt ggcggggaga agcagacacc ctcccagcag 240
 aggggcagga tgggggcagg agagttagca aaggtgacat cttctcgggg ggagccgaga 300
 ctgcccgaagg ctgggggggtt atgggcccgt tccaggcaga aagagcaaga gggcagggag 360
 ggagcacagg ggtggccagc gtaggggtcca gcacgtgggg ttgtacccca ggcctgggtc 420
 agacagggac atggcagggg acacaggaca gaggggtccc cagctgccac ctcaccacc 480
 gcaattcatt tagtagcagg cacaggggca gctccggcac ggctttctca ggcctatgcc 540
 ggagcctcga gggctggaga gcgggaagac aggcagtgtc cggggagttg cagcaggacg 600
 tcaccaggag ggcgaacggc cacgggaggg gggccccggg acattgcgca caaaggaggc 660
 tgcaggggct cggcctgcgg gcgccgggtcc caccaggcac tgcggcccag ggtctggtgc 720
 ggagagggcc cacagtggac ttggtgacgc tgtatgccct caccgtcag cccctggggc 780
 tggcttgga gacagtacag catccagggg agtcaagggc atggggcgag accagactag 840
 gcgaggcggg cggggcgagg tgaatgagct ctcaggaggg aggatggtgc aggcaggggt 900
 gaggagcgca gggggcgggc agcgggaggc actggcctcc agagcccgtg gccaaaggcg 960
 gcctcgcggg cggcgacgga gccgggatcg gtgcctcagc gttcgggctg gagacgagc1020
 caggtctcca gctgggggtg acgtgcccac cagctgccga aggcaagacg ccaggtccgg1080
 tggacgtgac aagcaggaca tgacatggtc cggtgtgacg gcgaggacag agggagcgcg1140
 tccggccttc ctgaacacct taggtctggtg gggctgcggc aagaagcggg tctgtttctt1200
 tacttcctcc acggagtcgg cacactatgg ctgccctctg ggctcccaga acccacaaca1260
 tgaaagaaat ggtgctaccc agctcaagcc tgggcctttg aatccggaca caaaaccctc1320
 tagcttgga atgaatatgc tgcactttac aaccactgca ctacctgact caggaaatcg1380
 ctctggaagg tgaagctaga ggaaccagac ctcatcagc caacatcaaa gacaccatcg1440
 gaacagcagc gccgcagca cccaccccgc accggcgact ccatcttcat ggccaccccc1500
 tgcggcgga ggttgaccac cagccaccac atcatcccag agctgagctc ctccagcggg1560
 atgacgccgt cccacaccac tccctcttct tctttttcat ccttctgtct ctttgtttct1620
 gagctttcct gtctttcctt ttttctgaga gattcaaagc ctccacgact ctgtttcccc1680

40

45

50

55

60

65

cgcccccttct gaatttaatt tgcactaagt catctgcact ggttgagatt gtggagacgg1740
 ccttgagtct cagtacgagt gtgcgtgagt gtgagccacc ttgggaagtg cctgtgcagg1800
 gcccgccgc cctccatctg gcccggtga ctggcgccg gctgtgtgcc cgaggcctca1860
 5 ccttgccctc gcctagtctg gaagctccga ccgacatcac ggagcagcct tcaagcattc1920
 cattacgccc catctcgctc tgtgcccctc cccaccaggg cttcagcagg agccctggac1980
 tcatcatcaa taaacactgt tacagcaaaa aaaaaaaaga aaaaaaaag aaaagaaaaa2040
 aaaagaaaaa aaaaggaaaa aaagagaggg aggaagaagg agaaaagga gtgtgg 2096

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1348 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

45 ctctcgcgag gccccagaga gcaggcgctg ggcagtgtgg aggtcggttg agtcacttcc 60
 gcgtcaccag ctctgtgcc tgccagtcgg tgccctccc gctccagcca tgctctccgc 120
 cctgcgccgg cctgccagcg ctgctctccg ccgcagcttc agcacctcgg ccagaacaa 180
 tgctaaagta gctgtgctag gggcctctgg aggcacggg cagccacttt cacttctcct 240
 gaagaacagc cccttggtga gccgcctgac cctctatgat atcgcgaca caccggagt 300
 50 ggccgcagat ctgagccaca tcgagaccaa agccgctgtg aaaggctacc tcggacctga 360
 acagctgcct gactgcctga aaggttgtga tgtggtagtt attccggctg gactccccag 420
 aaagccaggc atgacccggg acgacctgtt caacaccaat gccacgattg tggccaccct 480
 gaccgctgcc tgtgccagc actgcccgga agccatgatc tgcgtcattg ccaatccggt 540
 taattccacc atccccatca cagcagaagt tttcaagaag catggagtgt acaaccccaa 600
 55 caaatcttc ggcgtgacga ccctggacat cgtcagagcc aacaccttg ttgcagagct 660
 gaagggtttg gatccagctc gactcaacgt cctgtgcatt ggtggccatg ctgggaagac 720
 catcatcccc ctgatctctc agtgaccccc caaggtggac tttccccagg accagctgac 780
 agcactcact gggcgatcc aggaggccgg caggagggtg gtcaaggcta aagccggagc 840
 60 aggtctgcc accctctcca tggcgtatgc cggcgccgc tttgtcttct cccttggtga 900
 tgcaatgaat ggaaggaag gtgtgtgga atgttccttc gtttaagtcac aggaacgga 960
 atgtacctac ttctccacac cgctgctgct tgggaaaaag ggcatcgaga agaacctggg1020
 catcggaaca gtctctctt ttgaggagaa gatgatctcg gatgccatcc ccgagctgaa1080
 ggctccatc aagaagggg aagatttcgt gaagaccctg aagtgaaggc ctgtgacggg1140
 65 tggccagttt ccttaattta tgaaggcatc atgtcactgc aaagccgttg cagataaact1200
 ttgtatttta atttgctttg gtgatgatta ctgtattgac atcatcatgc cttccaaatt1260
 gtgggtggct ctgtggcgcc atcaataaaa gccgtccttg attttaaaaa aaaaaaaaaa1320
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1348

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 358 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

aatgggggac cggagaagaa gtacaagagc acgggtcagg ggcgggactc cgacggctcc 60
ttcttcctct acagcaggct aaccgtggac aagagcaggt ggcaggaggg gaatgtcttc120
tcatgtctccg tgatgcatga ggctctgcac aaccactaca cgcagaagag cctctccctg180
tctccgggta aatgagtgcg acggccggca agccccgcgt ccccgggctc tcgcggtcgc240
acgaggatgc ttggcacgta ccccggtgtac atacttccca ggcacccagc atggaaataa300
agcaccacgc gctgccctgg ggcccctgcg aaaaaaaga aaaagaatcg aaaagggg 358

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 89 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

gcccctagcc cctggcagac atagctgctt cagtgccctt tttcctctgc tggctagatg60
gatgttgatg cactggaggt acttttagc 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1632 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gacactggtt ggttctgata agaggcaggg gaggagaaag ccgaggaaga gggagttgcg 60
gaagaggagg gagttaacaa gttctcttat ccaccatcac accgggagtg ttgtccagcc 120
gtggaggagg aggacgatga agaagctgta aagaaagaag ctacacagaac ctctacttct 180
gccttgcttc caggatccaa gccagcact tgggtgtctt gcccagggga ggaagagaat 240
caagccacgg aggataaaaag aacagaaaga agtaaaggag ccaggaagac ctccgtgtcc 300
ccccgatctt caggctccga ccccaggctc tgggagtatc gttcaggaga ggcgtccgag 360
gagaaggagg aaaaggcaca caaagaaact gggaaaggag aagctgcccc agggccgcaa 420
tcctcagccc cagcccagag gccccagctc aagtcctggt ggtgccaacc cagtgatgaa 480
gaggagggtg aggtcaaggc tttgggggca gctgagaagg atggagaagc tgagtgtcct 540
ccctgcatcc cccaccag tgccttcctg aaggcctggg tgtattggcc aggagaggac 600
acagaggaag aggaagatga ggaagaagat gaggacagt actctggatc agatgaggaa 660
gagggagaag ctgaggcttc ctctccact cctgctacag gtgtcttctt gaagtcctgg 720
gtctatcagc caggagagga cacacagtga tacaggatca gccgaggatg aaagagaagc 780
tgagacttct gcttcacac cccctgcaag tgctttcttg aaggcctggg tgtatcggcc 840
aggagaggac actggatagt gaggataaag aagatgattc agaagcagcc ttaggagaag 900
ctgagtcaga cccacatccc tcccaccgg accagagggc ccacttcagg ggctggggat 960
atcgacctgg aaaagagaca gaggaagagg aagctgctga ggactgggga gaagctgagc1020
cctgcccctt ccgagtggcc atctatgtac ctggagagaa gccaccgcct ccctgggctc1080
ctcctaggct gccctccga ctgcaaaggc ggctcaagcg cccagaaacc cctactcatg1140
atccggaccc tgagactccc cttaaaggcca gaaaggtgcg cttctccgag aaggtcactg1200
tccatttctc ggctgtctgg gcagggccgg ccaggccgc ccgcccagg ccctgggagc1260
agcttgctcg ggatcgagc cgcttcgcac ccgcatcac ccaggcccag gaggagctga1320
gcccttgctc caccctgct gcccgggcca gagcctgggc acgcctcagg aaccacctt1380
tagcccccct cctgcccctc acccagacct tgccttcctc ctctgtccct tcgtcccag1440
tccagaccac gcccttgagc caagctgtgg ccacacctc ccgctcgtct gctgctgcag1500
cggtgcctt ggacctcagt gggaggcgtg gctgagacca actggtttgc ctataattta1560

ttactatattt attttttcta agtgtgggtt tatataagga ataaagcctt ttgatttgtal620
acgaaaaaaa aa 1632

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2972 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library.

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

35

ccaggacgag cacctcatta cattcttcgt gcctgtcttt gagccgctgc cccctcagta 60
cttcatccga gtgggtgtctg accgctggct ctcttgtag acccagctgc ctgtctcctt 120
cgggcacctg atcttgccgg agaagtaccc ccctccaacc gaacttttg acctgcagcc 180
cttgcccggtg tctgctctga gaaacagtgc ctttgagagt ctttaccag ataaatttcc 240
tttcttcaat cccatccaga ccaggtgtt taacactgta tacaacagt acgacaacgt 300
gtttgtgggg gcccccacgg gcagcgggaa gactatttgt gcagagtttg ccctcctgcg 360
aatgctgctg cagagctcgg aggggctgtg tgtgtacatc acccccatgg aggcctggc 420
agagcaggtg tacatggact ggtacgagaa gttccaggac aggtcaaca agaaggtggt 480
actcctgaca ggcgagacca gcacagacct gaaqctgctg ggcaaaggga acattatcat 540
cagcaccctt gagaagtggg acatactttc cgggcgatgg aagcagcgca agaactgca 600
gaacatcaac ctcttcgtgg tggatgaggt ccaccttatc gggggcgaga atgggctgt 660
cttagaagtg atctgtccc gaatgcgcta catctctcc cagattgagc ggccattcg 720
cattgtggca ctacgtctt cgtctccaa tgccaaggat gtggccact ggctgggctg 780
cagtgcacc tccaccttca acttccatcc caatgtcgt cccgtcccct tggagctgca 840
catccagggc ttcaacatca gccatacaca aaccgcctg ctctccatgg ccaagcctgt 900
gtaccatgct atcaccaagc actgcgccaa gaagcctgtc attgtctttg tgcctctcg 960
caagcagacc cgcctcactg ccattgacat cctcaccacc tgtgcagcag acatccaacg1020
gcagagggtt ttgcactgca ccgagaagga tctgattccg tacctggaga agctaagtga1080
cagcagctc aaggaaacgc tgctaaatgg ggtgggctac ctgcagagg ggctcagccc1140
catggagcga cgcctggtgg agcagctctt cagctcaggg gctatccagg tgggtggggc1200
ttctcgaggt ctctgctggg gcatgaacgt ggctgccac ctggtaatca tcatggatac1260
ccagtactac aatggcaaga tccacgccta tgtggattac cccatctatg acgtgcttca1320
gatgggtggc cagcccaacc gccctttgca ggacgatgag gggcgctgtg tcatcatgtg1380
tcagggtctc aagaaggatt tcttcaagaa gttcttatat gagccattgc cagtagaatc1440
tcacctggac cactgtatgc atgaccactt caatgctgag atcgtcacca agaccattga1500
gaacaagcag gatgctgtgg actacctcac ctggacctt ctgtaccgcc gcatgacaca1560
gaacccaat tactacaacc tgcaggcat ctcccatcgt cacttgtcgg accactgttc1620
agagctgggt gagcagaccc tgagtgcct ggagcagtc aagtgcacga gcatcgagg1680
cgagatggac gtggcgctc tgaacctagg catgatcgcc gcctactatt acatcaacta1740
caccaccatt gagctcttca gcatgtccct caatgccaag accaaggtgc gagggttat1800

cgagatcatc tccaatgcag cagagtatga gaacatccc atccggcacc atgaagaaca1860
 tctcctgagg cagttggctc agaaggtccc ccacazgctg aataacccta agltcaatga1920
 tccgcacgctc aagaccaacc tgcctcctgca ggctcacttg tctcgcacgc agctgagtg1980
 5 tgagttgcag tcagatacgg aggaatcct tagtaaggca atccggctca tccaggcctg2040
 cgtggatgtc ctttccagca atgggtggct cagccctgct ctggcagcta tgggaactggc2100
 ccagatggctc acccaagcca tgtggtccaa ggactcatac ctgaagcagc tgccacactt2160
 cacctctgag catatcaaac gttgcacaga caaggagtg gagagtgttt tgcacatcat2220
 ggagatggag gatgaagaac ggaacgcgtt gcttcagctg actgacagcc agattgcaga2280
 10 tgtggctcgc ttttgaacc gctaccctaa tatcgaacta tcttatgagg tggtagataa2340
 ggacagcatc cgcagtggcg ggccagtgtt ggtgctggcg cagctggagc gagaggagga2400
 agtcacaggc cctgtcattg cgcctctctt cccgcagaaa cgtgaagagg gctggtgggt2460
 ggtgattgga gatgccaagt ccaatagcct catctccatc aagaggctga ccttgacaga2520
 15 gaaggccaag gtgaagtgg actttgtggc cccagccact ggtgcccaca actacactct2580
 gtacttcacg agtgacgctt acatgggatg tgaccaggag tacaattca gcgtggatgt2640
 gaaagaagct gagacagaca gtgattcaga ttgagtcctg aggcatttac ttttgggtaa2700
 aggagagttg agcctgaatt aggaatgtgt acattgtagg aatcctggtt gtggggacca2760
 ggtctgtggg cctcaggtct ggccagccag ggtggtgct gtccccgcct acctccactt2820
 20 cctttccctt gctcactctg gatccagtga cagcaggtgt catgggtcaa gcataaatca2880
 tatatagcat tttcaggcat gttcctggta gttcttttga gtctgacatt ctaataaaat2940
 aattttaga aaaaaaacca aaaaaaaaaa aa 2972

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 496 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ctcgagccga agagtccctg acctcctgtg caagaacatg aaacatctgt ggttcttctt 60
 tctcctgggtg gcagctccca gatgggtcct gtcccagggtg cagctgcagg agtcgggccc120
 aggactgggtg aagccttcgg agaccctgtc cctcacctgc actgtctctg gtggctccat180
 cagtagttac tactggagct ggatccggca gccccaggg aagggaactg agtggattgg240
 60 gtatatctat tacagtggga gcaccaacta caaccctcc ctcaagagtc gagtcccat300
 atcagtagac acgtccaaga accagttctc cctgaagctg agctctgtga ccgctgcgga360
 cacggccgtg tattactgtg cgagacaggg tatagcagtg gaccagcttg actactgggg420
 ccagggaacc ctggtcaccg tctcctgagc ctgcaccaag gggccatcgg tcttccccct480
 65 ggcaccctgc tccaag 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 397 Basenpaare

(B) TYP: Nukl insäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

gaggtcctgg acctcctgtg caagaacatg aaacacctgt ggttcttcct cctcctggtg 60
gcagctccca gatgggtcct gtcccaggtg cagctgcagg agtcggggcc aggactggtg120
aagccttcgg agacctgtc cctcacctgc actgtctctg gtggctccat cagtagttac180
tactggagct ggatccggca gccgcgggg aagggactgg agtggattgg gcgtatctat240
accagtggga gcaccaacta caaccctcc ctcaagagtc gagtcaccat gtcagtagac300
acgtccaaga accagttctc cctgaagctg agctctgtga ccgcccggga cacggccgtg360
tattactgtg cgagagcaaa acgcagctgg acctcag 397

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 772 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5  gggactcctc agttcacctt ctcacaatga ggctccctgc tcagtcctg gggtgctaa 60
   tgctctgggt ctctggatcc agtggggata ttgtgatgac tcagtctcca ctctccctgc120
   ccgtcaccce tggagagccg gcctccatct cctgcaggtc tagtcagagc ctctgcata180
   gtaattggata caactatttg gattgggtacc tgcagaagcc agggcagctc ccacagctcc240
   tgatctattt gggtttcta cgggcctccg gggtccctga cagggttcagt ggcagtggat300
10 caggcacaga ttttacctg aaaatcagca gaggggagc tgaggatgtt ggggtttatt360
   actgcatgca agctctacaa actcctctca ctttcggcgg agggaccaag gtggagatca420
   aacgaactgt ggctgcacca tctgtcttca tcttcccgcc atctgatgag cagttgaaat480
   ctggaactgc ctctgttgtg tgctgctga ataacttcta tccagagag gccaaagtac540
   agtgaaggt ggataacgcc ctccaatcgg gtaactccca ggagagtgtc acagagcagg600
15 acagcaagga cagcacctac agcctcagca gcacctgac gctgagcaaa gcagactacg660
   agaaacacaa agtctacgcc tgcgaagtca cccatcaggg cctgagcttg gcccgtaaag720
   aaagggcttt caacaggggg aagtttttag aggggagatg tggccccacc tt 772

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1031 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

55 ggggacggaa ggcagagca cggacccgc cccctcgcg ccccgctcgt gacgtcgcg 60
   ggggagccgg cctccgccg gccccgagg gctctcccc gaggtcagc cccctctgct 120
   ccccatgggc aactgccagg cagggcacaa cctgcacctg tgtctggccc accaccacc 180
   tctggctgtg gccactttga tctgtgctgt ccttggcctc tctggcctgg gccttggcag 240
   ctctctctc acccacagga ctggcctgcg cagcctgaca tccccagga ctgggtctct 300
   tttttgagat cttttggcca gctgacctg tgtcccagga atgggacagt cacagggaag 360
60 tggcgagggt ctcaagtcgt gggcttgcg accacctga acttcggaga cggccagac 420
   aggaacaaga cccggacatt ccaggccaca gtctgggaa gtcataggg attgaaagga 480
   tcttctgcag gacaactgg cttatcaca gccagggtga ccacagaaag gactgcagga 540
   acctgcctat atttttagtgc tgttccagga atcctacct ccagccagcc acccatatcc 600
   tgctcagagg agggggctgg aaatgccacc ctgagcccta gaatgggtga ggaatgtgtt 660
65 agtgtctgga cccatgaagg ccttgtgctg accaagctgc tcacctgga ggagctggct 720
   ctgtgtggct ccaggctgct ggtcttgggc tccttctctg ttctctctg tggcctctc 780
   tgctgtgtca ctgctatgtg cttccaccg cgccgggagt cccactggtc tagaaccgg 840
   ctctgagggc actggcctag ttcccactt gtttctcagg tgtgaatcaa cttcttgggc 900

```

cttggctctg agttggaaaa ggttttagaa aaagtgaaga gctggaatgt ggjggaaaat 960
 aaaaagcttt ttggcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaada aaaaaaaaaa1020
 aaaaaaaaaa a 1031

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 739 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

cggtctgagc cccgctcagt caccgcgagc aggcgtgcag tttcccggtc ctccgcgcgg 60
 ccggggaagg tcagcgccgt aatggcggtc ttggcgctcg gaccctacct gaccatcag120
 caaaaggtgt tgcggcttta taagcgggag ctacgccacc tcgagtcgtg gtgcgtccag180
 agagacaaat accgatactt tgcttggttg atgagagccc gggttgaga acataagaat240
 gaaaaggata tggcgaaggc caccagctg ctgaaggagg ccgaggaaga attctggtac300
 cgtcagcatc cacagccata catcttcctt gactctcctg ggggcacctc ctatgagaga360
 tacgattgct acaaggtccc agaattggtg ttagatgact ggcatccttc tgagaaggca420
 atgtatcctg attactttgc caagagagaa cagtggaga aactgcggag ggaaagctgg480
 gaacgagagg ttaagcagct gcaggaggaa acgccacctg gtggtccttt aactgaagct540
 ttgccccctg ccgaaagga aggtgatttg cccccactgt ggtggtatat tgtgaccaga600
 ccccgggagc ggcccatgta gaaagagaga gacctcatct ttcattgctt caagtgaat660
 atgttacaga acatgcactt gccctaataa aaatcagtg aaatggaaaa aaaaaaaaaa720
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 739

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 651 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

cggtctgagc ctcagttcac cttctcacca tgaggtctcc tgctcagctc ctggggctgc 60
 20 taatgctctg ggtccctgga tccagtgagg atattgtgat gacctcagact ccactctccc120
 tgcccgtcac ccctggagag cgggcctcca tctcctgcag gtctagtcag agcctcttgg180
 atagtgatga tggaaacacc tatttgact ggtacctgca gaagccaggg cagtctccac240
 agctcctgat ctatacgctt tcctatcggg cctctggagt cccagacagg ttcagtggca300
 gtgggtcagg cactgatttc aactgaaaa tcagcagggt ggaggctgag gatgttggag360
 25 tttattactg catgcaacgt atagaatttc cttacacttt tggccagggg accaagctgg420
 agatcaaacg aactgtggct gcaccatctg tcttcactct cccgccatct ggatgagcag480
 ttgaaatctg gaacttgctt ctgttgttgt gcctgcttga ataactttct attcccagag540
 aggggcaaaag taacagtgga aggttgatt aacgccctgc aattcgggta actgcccagg600
 30 gtagtatttt cacagggcag gggcagcaag gacagcacct acagtcttag t 651

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 823 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

ccgcgtcgac aaattttttt aaagatcatc gatgaagaga gaaaatgcgc ttttctacag 60
 65 agtccccttc ccaccacag ccccatcccc agataagcgg ggagttccct ggcgcggtgc120
 cagttttctag ccgctgagtg ggcgtgtgcg cggtccaag tgcgcctgcg tactgctcac180
 tccccagctc cgcgcctgc tccgttcctc ccaaaactct gaatcgaaga actttccgga240
 agttttctgag agcccagacc ggcgggcacg cgcccatccc caacccctc tgttaatccc300
 taccagcctg cagtctcggc tgcttccaag caggaggtgg ggcctctggc ctacgggggc360

cgaaaggcag tggccctccc ccgcagtctg atttccctct tccccccaac ggcaagcacg120
 aggagcggca ggacgagcat ggctacatct cccggtgctt cacgcggaaa tacacgctgc480
 cccccggtgt ggacccccacc caagtcttct cctccctgtc ccctgagggc aactgaccg540
 tggaggcccc catgcccaag ctageccacgc agtccaacga gatcaccatc ccagtcacct600
 tcgagtcgcg ggcccagctt gggggcccag aagctgcaaa atccgatgag actgccgcca660
 agtaaagcct tagcccggat gccaccccct gctgccgcca ctggctgtgc ctccccgcc720
 acctgtgtgt tcttttgata catttatctt ctgtttttct caaataaagt tcaaagcaac780
 cacctggtca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

cataagggaa atgctttctg agagtcattg atctcatgtg caagaaaatg aagcacctgt 60
 ggttcttctt cctgctggtg ggggtcccca gatgggtcct gtcccagctg cagctgcagg120
 agtcgggccc aggactggtg aagccttcgg agaccctgtc cctcacctgc actgtctctg180
 gtggctccat cagcagtagt agttactact ggggtcggat ccgccagccc ccagggaagg240
 ggctggagtg gattgggagt atctattata gtgggagcac ctactacaac ccgtccctca300
 agagtcgagt caccatatcc gtagacacgt ccaagaagta cttctccctg aagctgagct360
 ctgtgaccgc cgcagacacg gctgtgtatt actgtgcgag acatgactgg tattacgata420
 ttttgactgg ttatgcgaaa ccgggcacag gttcgac 457

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1203 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

15 gtcggggg cctgcgcagt cgctcttct caggcggcgg ccatggcggg acaggaggat 60
    ccggtgcagc gggagattca ccaggactgg gctaaccggg agtacattga gataatcacc 120
    agcagcatca agaaaatcgc agactttctc aactcgttcg atatgtcttg tcgttcaaga 180
20 cttgcaacac taaacgagaa attgacagcc cttgaacgga gaatagagta cattgaagct 240
    cgggtgacaa aaggtgagac actcacctag aacagtgcg tgctgctgct gggaaagtgc 300
    ttacacaac acaggccaca tgggaaaggc ccagcagcc ttcagctcct tcctttctcc 360
    ttaaagagca acaggcctta ttctgtttt tcttttttca aaagtgtggc ctttgggctc 420
    tgccatctgg ggtgtggtgt ggtatgtggg aagaagtca gaggaaccgt tggaaacgac 480
25 gttaggcatt ttacctttc agtaacattt tatacatcta cttgtcaatg tatttgagac 540
    attcacagcc aaaagcctgg gactctttgt gaaggtcctc ctcacctcta tctttctttc 600
    tctctctctc aaactttcct taaagttctc attgcctttg cactgcttct gtgaacagtc 660
    tttgtctcct cccacctttt ggtgggaagt gcggggcagt cctggccaag acactcatgc 720
    cctggcaatg tggtgcccag agaattgtgt tgctaaccga ccagtttctt gttgatttgg 780
30 agaggtcaag gccaggcccc cacttggtt gaaggacat tttcagactt ttctttctgt 840
    cacttgaggt gtctatgcct ctcatatttc cctaataaac tcctcaactt tttatctgac 900
    tgctgtgatt atggtgggga gaggagctag agatgggttc acttattgca cagaaatgta 960
    atacatggcg ttattattct aacataaaaac tttcagatgt agctgtttga ttcaaagcct 1020
35 aggtgcttac cagcccaagt ccccatgttt ggactttcag ctgactagct catcttggga 1080
    atcatttggc cattcagcac atttaccagg tatttactat gtaggcattg taaactcca 1140
    taaaacatac agcattgaat cagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
    aaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 207 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

cggctcgagg cgcgcctcgg tgtcagtgtc ccaggacag acggccagga tcacctgtc 60
 tggacatgca ttgcaaagc aatgatgctt attggtacca gtcagaggcc agggccaggc120
 ccctgtgctt ggtggatccc ttgaaagaac attggaggag ggccttcag ggcattccct180
 ggagacggat tgctctgggc ttccaac 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cggctcgagc ggctcgaggc cgggatgggtg ggtgctacgc cccttgggta ctggggccag 60
 ggaaccctgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcgggctt ccccgggc120
 ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccttg gctgcctgg caaggactac180
 ttccccgaac cggtagcggg gtcgtggaac tcaggcgcct gaccagcggc gtgcacacct240
 tcccggctgt ctacagtctc aggactctac tcctcagcag cgtggtgacg tgccctccag300
 cagttgggca ccagacctac atctgcaagt gaatcgaagc cagcaa 346

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 926 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

cggtcttaag gaagcagcac tgggtggtgcc tcagccatgg cctggaccgt tctcctcctc 60
ggcctcctct ctcactgcac aggtctctgtg acctcctatg tgctgactca gccaccctcg120
gtgtcagtgg ccccaggaca gacggccagg attacctgtg ggggaaacaa cattggaagt180
aaaagtgtgc actggtacca gcagaagcca ggccaggccc ctgtgctggt cgtctatgat240
gatagcgacc ggcctcagg gatccctgag cgattctctg gctccaactc tgggaacacg300
gccaccctga ccatcagcag ggtcgaagcc ggggatgagg cegactatta ctgtcaggtg360
tgggatagta gtagtgatca ttgggtgttc ggcggaggga ccaagctgac cgtcctaggt420
cagcccaagg ctgccccctc ggtcactctg ttcccgcctt cctctgagga gcttcaagcc480
aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc540
tggaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg ggagtggaga ccaccacacc ctccaaacaa600
agcaacaaca agtacgcggc cagcagctat ctgagcctga cgcctgagca gtggaagtcc660
cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat gaaggagca ccgtggagaa gacagtggcc720
ctacagaat gttcataggt tctcaaccct cacccccac cacgggagac tagagtgcgca780
ggatcccagg ggaggggtct ctctccac cccaaggcat caagcccttc tccctgcact840
caataaacc tcaataaata ttctcattgt caatcaggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa900
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

926

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2384 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

gcctcccgcc cgccgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
ctttcggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggcccacc accccagccc 120
gccaactagt cagcctgcgc ctggcgctc ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180

```

ctgtggcgcc	tctgtgtctct	gttggccctg	agccaggccc	tgcctcttga	gagaggagge	240	
ttctgggact	tcaccctgga	cgatgggcca	ttcatgatga	acgatgagga	agcttcgggc	300	
gctgacacct	cgggcgctct	ggaccgggac	tctgtcacac	ccacctacag	cgccatgtgt	360	
cctttcgggt	gccactgcca	cctgcggggt	gttcagtgtc	ccgacctggg	tctgaagtct	420	5
gtgccc aaag	agatctcccc	tgacaccacg	ctgctggacc	tgacagaaca	cgacatctcc	480	
gagctccgca	aggatgactt	caagggtctc	cagcacctct	acgcccctcg	cctggtgaac	540	
aacaagatct	ccaagatcca	tgagaaggcc	ttcagcccac	tgcggaagct	gcagaagctc	600	
tacatctcca	agaaccacct	ggtggagatc	ccgccc aacc	taccagctc	cctggtggag	660	10
ctccgcatcc	acgacaaccg	catccgcaag	gtgccc aagg	gagtgttcag	tggtgtccgg	720	
aacatgaact	gcacgcagat	gggcggaac	ccactggaga	acagtggctt	tgaacctgga	780	
gccttcgatg	gcctgaagct	caactacctg	cgcatctcag	aggccaagct	gactggcatc	840	
cccaaagacc	tccttgagac	cctgaatgaa	ctccacctag	accacaacaa	aatccaggcc	900	
atcgaaactg	aggacctgct	tcgctactcc	aagctgtaca	ggctgggcct	aggccacaac	960	15
cagatcagga	tgatcgagaa	cgggagcctg	agcttcctgc	ccacctccg	ggagctccac	1020	
ttggacaaca	aaagtgtggc	cagggtgcc	tcagggtctc	cagacctcaa	gctcctccag	1080	
gtggtctatc	tgacttccaa	caacatcacc	aaagtgggtg	tcaacgactt	ctgtcccatg	1140	
ggcttcgggg	tgaagcgggc	ctactacaac	ggcatcagcc	tcttcaacaa	ccccgtgccc	1200	
tactgggagg	tgacgcccgc	cactttccgc	tgctgtcactg	acgcccctgc	catccagtgt	1260	20
ggcaactaca	aaaagtagag	gcagctgcag	ccaccgctgg	gcctcagtgg	gggtctctgg	1320	
ggaacacagc	cagacatcct	gatggggagg	cagagccagg	aagctaagcc	agggcccagc	1380	
tgcttccaac	ccagcccccc	acctcgggtc	cctgacccca	gtcgtatgcc	ccatcaccgc	1440	
ctctccctgg	ctcccaagg	tgcaaggctg	cgcaaggccc	ggccccatc	acatgttccc	1500	
ttggcctcag	agctgcccc	gctctccac	cacagccacc	cagaggcacc	ccatgaagct	1560	25
ttttctcgt	tcactcccaa	acccaagtgt	ccaaggctcc	agtcctagga	gaacagtccc	1620	
tggttcagca	gccaggaggc	ggtccataag	aatggggaca	gtgggtctct	ccagggtgct	1680	
cgacactgtc	cagacacaca	tgttctgttc	ctcctcctca	tgcatttcca	gcctttcaac	1740	
cctccccgac	tctgcggctc	ccctcagccc	ccttgcaagt	tcattggctg	tccttcccag	1800	30
accctgtctc	cactggccct	tcgaccagtc	ctccctctct	ttctctcttt	ccccgtcctt	1860	
cctctctctc	tctctctctc	ttctgtgtgt	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	1920	
tgtgtgtgtc	ttgtgttctc	tcagaccttt	ctcgttctct	agcttgggtg	cctgttccct	1980	
ccatctctcc	gaacctggct	tcgctgtctc	ctttcactcc	acacctctct	gccttctgcc	2040	
ttgagctggg	actgctttct	gtctgtccgg	cctgcaccca	gcccctgccc	acaaaacccc	2100	35
agggacagcg	gtctccccag	cctgccctgc	tcaggccttg	cccccaaac	tgtactgtcc	2160	
cggaggagggt	tgggagggtg	aggccagca	tcccgcgcag	atgacaccat	caaccgccag	2220	
agtcacagac	accggttttc	ctagaagccc	ctcaccccca	ctggccact	ggtggctagg	2280	
tctcccctta	tccttctggt	ccagcgcaag	gaggggctgc	ttctgaggtc	ggtgggtgtc	2340	40
tttccattaa	agaaacaccg	tgcaacgtga	aaaaaaaaaa	aaaa		2384	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 334 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

ctcgagccga attcggtctg agaggagccc agccctggga ttttcaggtg ttttcatttg 60
 gtgatcagga ctgaacagag agaactcacc atggagtgtg ggctgagctg gctttttctt120
 10 gtggctatgt taaaaggtgt ccagtgtgag gtgcagctgt tggagtctgg gggaggcttg180
 gtacagcctg gggggtcctt gagactctcc tgtgcagcct ctggattcac ctttagcagc240
 tatgccatga gctgggtccg ccaggctcca ggaaggggc tggagtgggt ctcagggtatt300
 agtggtagtg gtgtgatagt acacactacg caga 334

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 845 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcgttccctc cgccgagcta cttctttctt tctttttttt tttttttctg gctaacagaa 60
 tttttattgtt aaatcacaga aacttttagtg caaaacaaaa atcacgaagt ccatttaata120
 gcaacttcat gtctctgttg ctttgcttgc tgtctcctgg caaccagaag tggacagaag180
 50 cgtgggtgcc caagtgggcc acagacagct tccaaccccc acacccagc atccaatcca240
 caccagcag acccttcggc atgccgccct ctaccaggaa gccagaggcc taggagctcg300
 ccattccatat ttatttgaaa aggtcaaaag gaggatctat gagacaaggg aggggtgcag360
 gctgaagcag cgcctcaaca gccagggaca tgtaggcaac acgagcaggc acagcgcggc420
 caccactgtc cacacgtca cacaagccag gcccgcaggg ccttcggaga gctagcaggt480
 55 tacattcagg cagatggccc tcttccacc caaacccaca gaacccaaa caaggcatca540
 ccaggaaaga cacgggaaag ccaaatacaca gttgaaccag ggacagagaa cccttggccc600
 cactgatgtc ccaagccacc agcagctgct tccaaaatcc ctatgctatt acagtgggaa660
 ttacatcatt taaaagcct gattattccc aggtttctaa tctttcatat aaaactgcct720
 60 ttgttttgct cctttgttca actcagaggc ccagcaaagc gggcagggtc cctgatcagg780
 gcaggagccc acctcagaag cccatgccgc accagtgcc aagcacatgt cagtgcctcag840
 aacaa 845

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2233 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

gaattcagaa gttaaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac tttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgtcctt acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
cggctggtgg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcacogaat 420
ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa tttgattgat 480
ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
tggtgatttg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggtaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt ttacatttgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcactttcc 900
tcttgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctaccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020
ccatattgag tcaaatggta ggcatttcct atcacctgtt tccattcaac aagagcacta1080
cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcca ctaatttcaal140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc1200
agtgtgcgca tctcagatca gtgtaccatt tgccctcccg gctcaagcga tttctctgcc1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgcccggct aatttttgta1320
attttagtag agacagggtt tcaccatgtt gccagggctg gtttcgaact cctgacctca1380
ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccgcgcc1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttaca tttaaaaaaa1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaata ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaagga1560
gtcaaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620
cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac atttttttt tttaaaaaac aactatggat1680
cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa taattttaga tagttagaac1740
ctggctcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttaca ctgcctcgac1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca1860
ctgatgctta gatgttcag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc1920
tttttttcca tctttagaaa actacatggg acaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac1980
tgtgtgtgtg aatgaacact ctgtcttcat tccagaatgc tgtacatcta ttttgatttg2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggagggcag2160
gagagaggaa aaggggagga agaggagggg ggaaagagaa gggagagaga aggaggggga2220
aggaggtggg ggg
2233

```

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 243 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 25 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

35 ggagcccagc actagaagtc ggcggtgttt ccattcgggtg atcagcactg aacacagagg 60
actcaccatg gagtttgggc tgagctgggt ttccctcggt gctcttttaa gaggtgtcca120
gtgtcagggt cactgggtgga gcggggagcg ggtcagcagg agtcctgaat cctgtgacgc180
tgatcagtcc tatatcagat ggcgcagctc agcaggggtga tggggtatga atgataacat240
aca 243

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 65 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

gttttttttt tttttttttt aagagagcag attctcttta ttgagatacg ggacacagcg 60
aaggggtggag agacggaaca gcccccagc ctcagccctc tccacggggg ccggatgcca120
gagatgggag aagggattca gtctctcgcc cgggaaacc agtcccacag agggcgccgg180
caaggggtgg acgcgacctg ggtgacacgg tgcaggaggt cttaaataag aggaggggct240
ggagcgggga aacgcgcggg ggccctagcg caccatgtat tccttgcgct tattgagccg300
aacttggcag aaagagaagc ctccgaggag gaggtaaagg cctgcagcga tgaaacagtt360
gtagctgact tgctcgtaaa ggttgatat gtctggggg ccattctcaa aatctttctc420
cgtgaaggga acgtcctcaa tcaacacagc ggaatggaca ttgaaaaata ttccgagcat480
tatcaacatg atcactcccc aggcgctgag gacgatgccg caggcggcca gcttcggccc540
acagcacagg agcgacgcca taaagaagg agtcggggat cgccgagggt caagcgggct600
cggaaagcgg tgggagaaa cccaggatgc cctcgagggg gggcagaggg ggcgtggccc660
cgccctcaac catcccatcc gggggcgcca ggcggaaaag gctgggctcc tctcaggact720
ttcgcgggag acggcgcgct ctgaaaccaa aactgctcct ggggaaacct tccttgacct780
ctgtagctag ggcgtgagta ttggaagagc gagggcc 817

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gttcgggtc acatgggaaa tactttctga gagtccctga cctcctgtgc aagaacatga 60
aacacctgtg gttcttctc ctgctggtgg cagctcccag atgggtcctg tcccagggtc 120
agctgcagga gtcgggcca ggactggtga agccttcaca gacctgtcc ctcacctgca 180
ctgtctctgg tggctccatc agcagtgggt gttactactg gagctggatc cgccagcacc 240
cagggaaggg cctggagtg attgggtaca tctattacag tgggagcacc tactacaacc 300
cgtccctcaa gagtgcagtt accatatcag tagacacgct taagaaccag ttctccctga 360
agctgagctc tgtgactgcc gcggacacgg ccgtgtatta ctgtgcgaga gagcatctct 420
cctacggtga ctgagatac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa gggacccggt 480
caccgtctcc tcagcatccc cgaccagccc caaggtcttc ccgtgagcc tctgcagcac 540
ccagccagat gggaacgtgg tcatcgctg cctggtccag ggcttcttcc cccaggagcc 600
actcagtgtg acctggagcg aaaggacag ggcgtgaccg ccagaaactt cccaccagc 660
caggatgcct ccggggacct gtacaccacg agcagccagc tgaccctgcc ggccacacag 720
tgccatagcc gcaagtccgt gacatgccac gtgaagcact acacgaatcc cagccaggat 780
gtgactgtgc cctgccaggt tccctcaact ccacctaccc catctccctc aactccacct 840
accccatctc cctcatgctg ccacccccga ctgtcactgc accgaccggc cctcgaggac 900

```



```

ctgctcttag gttcagaagc gaacctcagc tgcacactqa ccggcctgag agatgctca 960
ggtgtcacct tcacctggac gccctcaagt gggaagagcg ctgttcaagg accacctgag1020
cgtgacctct gtggctgcta cagcgtgtcc agtgtcctgc cgggctgtgc cgagccatgg1080
5 aacctgaggga agaccttcac ttgcaactgct gcctaccccg agtccaagac cccgctaacc1140
gccacctctt caaaatccgg aaacacattc cgccccgagg tccacctgct gccgccgccc1200
tcggaggagc tggccctgaa cgagctggtg acgctgacgt gcctggcacg cggcttcagc1260
cccaaggacg tgctgtgttc ctggctgcag gggtcacagg agctgccccg cgagaagtac1320
ctgacttggg catcccggca ggagcccagc cagggcacca ccaccttcgc tgtgaccagc1380
10 atactgcgcg tggcagccga ggactggaag aagggggaca ctttctcctg catggtgggc1440
cacgaggccc tgccgctggc cttcacacag aagaccatcg accgcttggc gggtaaaccc1500
acccatgtca atgtgtctgt tgtcatggcg gaggtggacg gcacctgcta ctgagccgcc1560
cgctgtccc caccctgaa taaactccat gctcccccaa gcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1620
15 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1644

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1133 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

50 atttatctgg gacagacatc ttcagaatga cacatgccaa acagtgggtc ttattaaatc 60
aaaggttcag atattatcag attcagaaat agtgatgctt tgtgtatcta ttttcttctc 120
tttaaacaga aaaagacaaa tgaatgggga aagacaatca ttgaatacaa aacaaataag 180
ccatcacgcc tgcccttccct tgatattgca ctttgggaca tcgggtggtg tgaccaggaa 240
ttctttgtgg acattggccc agtctgtttc aaataaatga actcaatcta aattaaaaaa 300
gaaagaaatt tgaaaaaact ttctctttgc catttcttct tcttcttttt taactgaaag 360
ctgaatcctt ccatttcttc tgcacatcta cttgcttaaa ttgtgggcaa aagagaaaaa 420
gaaggattga tcagagcatt gtgcaatata gtttcattaa ctcttcccc cgctccccc 480
aaaatttgaa tttttttttc aacactctta cacctgttat ggaaaatgtc aacctttgta 540
agaaaaccaa aataaaaatt gaaaaataaa aaccataaac atttgacca cttgtggctt 600
60 ttgaatatct tccacagagg gaagttaaaa acccaaactt ccaaagggtt aaactacctc 660
aaaacacttt cccatgagtg tgatccacat tgtaggtgac tgacctagac agagatgaac 720
tgaggtcctt gttttgtttt gttcataata caaagggtgct aattaatagt atttcagata 780
cttgaagaat gttgatgggt ctgagaagaat ttgagaagaa atactcctgt attgagttgt 840
atcgtgtggt gtatttttta aaaaatttga tttagcattc atattttcca tcttattccc 900
65 aattaaaagt atgcagatta tttgcccata tcttcttcag attcagcatt tgttctttgc 960
cagtctcatt ttcattctct tccatggttc cacagaagct ttgtttcttg ggcaagcaga1020
aaaattaaat tgtacctatt ttgtatatgt gagatgttta aataaattgt gaaaaaatg1080
aaataaagca tgtttggttt tccaaaagaa aaaaaaaaaa aaaaaagtgc acc 1133

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 969 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

gaggaggagg gtgtatctcc ttctgtcgga ccgccccttg gcttctgcac tgatgggtggg 60
tggatgagta atgcatccag gaagcctgga ggccctgtgg ttccgcaccc gctgccaccc120
ccgcccttag cgtggacatt tatecttag cgctcaggcc ctgcgccat cgccgcagat180
ccagcgccca gagagacacc agagaaccca ccatggcccc ctttgagccc ctggcttctg240
gcacctgtgt gttgtgtgtg ctgatagccc ccagcagggc ctgcacctgt gtcccacccc300
acccacagac ggccttctgc aattccgacc tcgtcatcag ggccaagtgc gtggggacac360
cagaagtcaa ccagaccacc ttataccagc gttatgagat caagatgacc aagatgtata420
aagggttcca agccttaggg gatgccgctg acatccggtt cgtctacacc cccgccatgg480
agagtgtctg cggatacttc cacaggtccc acaaccgcag cgaggagttt ctattgtctg540
gaaaactgca ggatggactc ttgcacatca ctacctgcag ttctgtggct ccctggaaca600
gcctgagctt agctcagcgc cggggcttca ccaagaccta cactgttggc tgtgaggaat660
gcacagtgtt tccctgttta tccatcccct gcaaactgca gactggcact cattgcttgt720
ggacggacca gctcctcaa ggctctgaaa agggcttcca gtcccgtcac cttgcctgcc780
tgccctcgga gccagggtctg tgcacctggc agtccctgcg gtcccagata gcctgaatcc840
tgcccgaggt ggaagctgaa gcctgcacag tgtccaccct gttcccactc ccatctttct900
tccggacaat gaaataaaga gttaccacc agcaaaaaaa aaaaaaaaaa acaagtcgtc960
gcgtgctgt
969

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 617 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

cctacacctt cctccctttt gggtttctat tcggaccgcg atgatttgct ttggaaggct 60
taacccctt cttcccaaa cttgccccg gagaacccc agccttacga cctcctcct120
gaagatgcaa aaccagcttg ccggccgcgc tctcttcag gacatcaaga agccagctga180
agatgagtgg ggtaaaaccc cagacgcat gaaagctgcc atggccctgg agaaaaagct240
gaaccagggc cttttggatc ttcattgccc ggtttctgcc cgcacggacc cccatctctg300
tgacttcctg gagactcact tcctagatga ggaagtgaag cttatcaaga agatgggtga360
ccacctgacc aacctccaca ggctgggtgg ccgaggagct gggctgggag agtatctctt420
cgaaaggctc actctcaagc acgactaaga gccttctgag ccagcgact tctgaagggc480
cccttgcaaa gtaatagggc ttctgcctaa gcctctcct ccagccaata ggcagctttc540
ttaactatcc taacaagcct tggaccaaag ggaataaag ctttttgatg caaaaaaaga600
ggagggggga aaaaagc                                     617

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 704 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

ggggagactc gtcaccaggc gtgcagtggg cactgctggg ctccccatc ccgtcctaac 60
ccggaacagc ccggggcagg aggcgtggaa agtcgagggg gtaaacccgc aatgtgcgtt120
gtgtaagcca cggcgagggg tggggcgagg gcgggacttg ggcgggcggg gtgggcttgg180
ccgagctggc ctccggggca ccgaccgcta taaggccagt cggactgcga cacagcccat240
cccctcgacc gctcgctcgc catttgccg cctccctacc gctccaagcc cagccctcag300
ccatggcatg ccccctggat caggccattg gcctcctcgt ggccatcttc cacaagtact360

```

ccggcagggg gggcgacaag cacaccctga gcaagaagga gctgaaggag ctgatccaga420
 aggagctcac cattggctcg aagctgcagg atgctgaat tgcaaggctg atggaagact480
 tggaccggaa caaggaccag gaggtgaact tccaggagta tgtcaccttc ctgggggcct540
 tggctttgat ctacaatgaa gccctcaagg gctgaaaata aatagggaag atggagacac600
 cctctggggg tcctctctga gtcaaattcca gtgggtgggt attgtacaat aaattttttt660
 tgggtcaaatt taataaaaaa aaaaaaagag aaaaaagggt gagc 704

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

PCSSQFHPVE NRSQEPLAGD SMSPTLPVQ NMNNAMFLQK TLSLSFIGGN HQTAECTRL60
 SRTTDLSPSH SPYHHKSHNK KEKRYFGFKK SKKIM 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 52:

LPRDTWFKLK CLTDHSRHLV HSYVNVSHLT WWHCLQTEHR LPLAWFENRN RAMPTDPSYV60
 WASKWNCTFI QIFTCL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:
RVNNCQEQLV VLKYNPQPRI PPVLQMDQLK QANTEDTKNE VRFIETRVTP LDELNTKMTL60
TLSTRYSSET CLQNEIPEEF CSYPEIRGSN 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

20

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:
PLQPPRAMAP RGCIVAVFAI FCISRLLC SH GAPVAPMPY LMLCQPHKRC GDKFYDPLQH 60
CCYDDAVVPL ARTQTCGNCT FRVCFEQCCP WTFMVKLINQ NCDSARTSDD RLCRSVS 117

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

45

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:
RVPQPALGWC RVDVGHGRHQ EGSESLGPHQ HTHMLSRIL EGDWASSGQ RQGGPQTGHR 60
MKWAVECVFL WPPNSHSASQ ISGNTSLFLQ AHPGRRIQES SFP 103

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	10
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	15
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 56:	20
RCSFHTSGSW PRARRHHHSN SAAGGRRTCP HISCVAGTAS GKESWGPLGL RVSRGAWRCR60	
KWQRQLRCSL GEPWLWVVAV E 81	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:	25
(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	30
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	35
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	40
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 57:	45
RAARADSARA FPLPACKVVV PQGPPPGHVG AAGQAFPSFE RGFRCSRAS GLRSSLPSEF 60	
SVVASPPPTH QSRCILGRAL GAMAPRGRKR KAEAAVVAVA EKREKLANGG EGMEEATVVI120	
EHCTS 125	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:	50
(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	60
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	65
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 58:

5 QRSPFFPPR RSPASLASRL RRPRPQPYA SSRGEPWRLE PGRCSGTGG WGAETRPLSG 60
NWATKSAARK LCSYSGNLSQ RKGKLGPHQ RGLEADLGAQ PLCKQGAGRL EPNRLERLE 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- 10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 59:

30 TRQLVQCSIT TVASSIPSPP FASFSRFSAT ATTAASALRE LPRGAMAPRA RPRMQRDWWV 60
GGGDATTEK LGNEERSPEA LLLQKPLSK EGKAWPAAPT WPGGGPWGTT TLQAGSGKAR120
AESARAAR 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

- 35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 60:

55 VTVMQFNFEI SFKYVLYSSY SWLKLDHTIA DCMVFTWTPC RMLDYLYSSY ANMLWAGEMK 60
SSSHQDLLEK WLDNWATKEL ELHLLGFELE WNTLLHFGKS KSSASGALSI ENLPSFALKD120
VLFFIYT 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

- 65 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 61:

SIGPICSQGL GPGGIPSPIT LIKNGCNCKN PCLIIYLQCS HLQMYLLMLS CQVPMQRWRG 60
LPLCGWGLWV VVKDRYQKNA FKCTNLLINI RCLLKKKKKK KKRVGCVGCI G 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 62:

YRSFTTTHKP HPHKGSPRHL CIGTWQLSIR RYICKWEHSC KYIRQGFLQL QPFLIKVIGE60
GIPPGPRP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(A) LÄNGE: 195 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

LVQPGGSCSG GRLLGVEFPS APRVRPFERS APAPATSLLG AMTTTTTFKG VDPNSRNSSR 60
VLRPPGGGSN FSLGFDEPTE QPVRKNKMAS NIFGTPEENQ ASWAKSAGAK SSGGREDLES120
SGLQRRNSSE ASSGDFDLK GEGDIHENVD TDLPGSLGQS EEKPVPAAPV PSPVAPAPVP180

SRRNPPGGKS SLVLG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

5

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

VSQSFPSNLL LENTHAMAHK PKSQQQRETC SSKEKKKRQQ YIKCFFLMKQ IQEMYSQAQV 60
 VQFTSMEETD RTTAFRTVRA NPRRGWTCRQ GDFFWMALGP GPPGWAQAQQ ARASLHSAPG120
 CLASLCPHFH EYHLLPSDLR SLRSLLRSS FSAVQMTPSL PCHH 164

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

FQAVSLYIQA FLCVRKALL ISQPVLLLSG YFLRLKNKRQ FLCFAGGKAG GAGLFIVHMS 60
 QEEALSKGHW QVRATPRRLC GETPCGLGPG RNGACGLFMV CPVEAW 106

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 349 Aminosäuren

60

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

AALRSDAGMK RALGRRKGVW LRLRKILFCV LGLYIAIPFL IKLCPGIQAK LIFLNFVRVP 60
YFIDLKKPD QGLNHTCNY LQPEEDVTIG VWHTVPAVWW KNAQGDQMW YEDALASSHP120
IILYLHGNAG TRGGDHRVEL YKVLSSLGYH VVTFDYRGWG DSVGTPSERG MTYDALHVFD180
WIKARSGDNP VYIUGHSLGT GVATNLVRR L CERETPPDAL ILESFTNIR EEAKSHPFVS240
IYRYFPGFDW FFLDPITSSG IKFANDENVK HISCPLLIH AEDDPVVPFQ LGRKLYSIAA300
PARSFRDFKV QFVPFHSDLG YRHKYIYKSP ELPRILREFL GKSEPEHQH 349

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

SGLSRLGPGR NQHAGQDVLC EVAAALHQVL KELLGQGIDY EKILKLTADA KFESGDVKAT 60
VAVLSFILSS AAKHSVDGES LSSELQQLGL PKEHAASLCR CYEEKQSPLQ KHLRVCSLRM120
NRLAGVGWRV DYTLLSSLLQ SVEEPMVHLR LEVAAAPGTP AQPVAMSLSA DKFQVLLAEL180
KQAQTLMSSL G 191

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

45

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

65

FFFFFFFFF FFFSLLYFC LFFLLMKTAN NCLSRGKVM LGKVLRSPEP SSQERSEAAG 60
DLGGQSPGQG LSILEPGLPP EEQFRGRDSI RAGRLHTGLE HPSPQPRELI RVWACFSSAR120

RTWNLSAERD MATGWAGVPG AAATSSRRCT MGSSTDCSRL ELRV

164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

NQGCLPKSSS EGVTPYGQGG STQAWNTLLL SPGSSSGSGP ASVLPGGPGT CLLRGTWQQA 60
 GLGSLGQLPP PAAGAPWALP RIAAGWSSGC SPPASPHLPT YSCVGCRPAS ASARGFASPH120
 NSGTGWPRAL WAAPAAVHW TRIRHRHCAW PHWRG 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

RRAAVTWVWL GVLCFESAVF TPTEVVRTCR LLRFS

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:		
KRLTQNTTPP TRPKSQLHVF KTSFKVSYFS TS	32	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:		10
(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		15
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		20
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:		
ENRSNLHVLT TSVGVKTADS KHNTPNQTQV TAARLQN	37	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:		35
(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		40
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		45
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		50
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:		
LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60		
PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELLL120		
V	121	60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:		
(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		65
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

15 QACPWASLAQ GQTRLRRKL DTPVHGGLGL EGWLSGLEVP GGLPAGTRPS AAGWAVPCCC 60
CPQGLAVVAE DGTLSGWIRS PGSSSSRELR HKAGARLYTC RTQESLLQFL PEAPR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

20 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

40 RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW 60
PRWVGGS AFL AMAAATPRQE TAECLEGCNT RSNRQPPLQL MSDGQALQHL DRHGGWS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

45 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

65 PPQERRTIFV LYPRGSGREN MESGFYRLIG PIHKGHDWEK VWEQKENWDF RVQYAHPKLL60
VAWGMS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

20

ALSTRAMTGK RYGSRRRIGI LGCSTLTNLF WWPGACLEAQ TVKQALLACL LVTTSPAVL60
RLHPAPGTPP APEPPLSPCD G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

25

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

45

TLLTIHIWTR DTVHEVHPSQ GDSGGSGAGG VPGAGWSLKT AGAEVVTSKQ ASRACLTVWA 60
SRHAPGHQKF RVSVLHPKIP ILLLLPYLFP VMALVDRAVQ SIES 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

50

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

PSSPRAVRHS GHQDSKMASV VPVKDKKLE VKLGELPSWI LMRDFSPSGI FGAFQRGYYR 60
YNNKYINVKK GSISGITMVL ACYVLFSYSF SYKHLKHERL RKYH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

RRGASRGLPW CWHATCSLAT PFPTSISSTS GSANTTEEDT LCTPPPHDLG PSPSVRNTIS60
IVAESFHILI GINLQIKHDW YV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

KDSATIEIVF LTEGLGPRSW GGGVQSVSSS VVFAEPLVLE MLVGKGVAKE HVACQHHGNP 60
RDAPLLHIDV LVVVPVVTSL KRSENATRTE VPHQDPAWQL PQFDLQKFLV LHWYN 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

ARAARGARRT SRAVTPTCAT PAGPMPCSRLL PPSLRCSLHS ACCSGDPASY RLWGAPLQPT 60
 LGVVPQASVP LLTDLAQWEP VLVPEAHPNA SLTMYVCTPV PHPDPPMALS RTPTRQISSS120
 DTDPPADGPS NPLCCCFHGP AFSTLNPVLR HLFPPQEAFFA HPIYDLSQVW SVVSPAPSRG180
 QALRRQA 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 241 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

FFFFGLSNRC LLRAYAVLRL PFREPHECEA WPLPPGLQAP SLETPRNSRR LLSSSSTQST 60
 SSQPLLGPPE CLSPAGCGGH HGPDLAQVID GVGREGFLGE EVPEHRVKGG ECWAMETAAE120
 RVGGAICRRI CVTRADLPGG SPGEGHGRVR VGHARGADIHG QTCVRMCLRN QDRPLGQVC180
 EEWHRGLGHH TQCGLQRGPP EPIAGRVPR AGRVQGAAQG WRQPAAGHGP RWRCTSRCHS240
 T 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

MGWAGKASWG KRCLSTGLRV ENAGPWKQQQ RGLEGPSACG SVSLELICRV GVLERAMGGS 60
 GWGTGVQTYM VRLALGCASG TRTGSHWARS VRSGTEAWGT TPSVGOSGAP QSL 113

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 10 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

AFLSFLFSER FKAFTTLFPP SLINLICTKS FALVGVVETA LSLSTSVREC EPPWQVPVQG 60
 PAALHLGRVT GAPAVCPKAS PWPFGLSLGR FRTEHQGRQA FQGISIN 107

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
 35 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

LRNRLWKVKL EEPDLISPTS KTPSEQQRPO HPPRTGDSIF MATPCGGRLT TSHHIPELS 60
 SSSGMTSPSP PPSSSFSSFC LFVSELSCLS FFLRDSKPPR LCFPRPF 107

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
 60 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

IQKGRGKQSR GGFESLRKKE RQESSETKRQ KDEKEEEGGG GDGVIPLEEL SSGMMWWLVV 60
NRPPQGVAMK MESPVRGGCC GRCCSDGVFD VGLMRSGSSS FTFQSRFLSQ VVQWL 115

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

CSVNRLPRLR PKQGGEAFGH TAGAPVTRPR WRAAGPCTGT CQGGSHSRTL VLRLKAVSTT 60
PTSANDLVQI KFRRDGGNRV VEALNLSEKR KDRKAQKQRD RRMKKKKREV VGTASSRWRS120
SALG 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

EGAGGEWRCP AAGGPRGEDG PPGLRLTERA GLTTRHLTGT ADPSQKHNLR DPSSSKDERI 60
QQTQPNREGA CSLNLHGLRY LCKPGVAPVL RVILRSCLEP NGFTSGSCRF SLGLSLILKW120
VAGGRGWLRP LLALRLQSWE QDTSPEFHFF SCPNHAHTIV QNQSTFEKWL HGHPPGPRKL180
HSKGLFTWQQ NPSPAVSP 198

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

LPPVEPPVLK GSCRKDMHRN EERERSENEV WRARPGPTAQ GSSPPPDAPF HPPPQCLLSP 60
 KAPASEVLGA HPPQCGQGK GOVLDTAKCP EMTLLLTTHFF GPWQSPTCPQ HGAPGRTGRQ120
 EGGW 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

NSGEVSCSQL CSLRASGRS HPLPPATHFK MRLRPRLKRQ LPEVNPFGRK HERRMTLRTG 60
 ATPGLHKYRR PWRLRLQAPS ILGCVCCILS SLELLGSLRL CFWDGSAVPV RCLVVRPALS120
 VSLSPGGPSS PLGPPAAGHL HSPPAPS 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 374 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(II) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

SREAPESRRW AVWRSLESLEP RHQLLCLPVG APPAPAMLSA LARPASAALR RSFSTSAQNN 60
 AKVAVLGASG GIGQPLSLLL KNSPLVSRLT LYDIAHTPGV AADLSHIETK AAVKGYLGPE120
 QLPDCLKGCD VVVIPAGVPR KPGMTRDDL F NTNATIVATL TAACAQHCPE AMICVIANPV180
 NSTIPITAEV FKKHGVYNPN KIFGVTTLDI VRANTFVAEL KGLDPARVNV PVIGGHAGKT240
 IIP LISQCTP KVDFFPQDQLT ALTGRIQEAG TEVVKAKAGA GSATLSMAYA GARFVFSLVD300
 AMNGKEGVVE CSFVKSQETE CTYFSTPLLL GKKGIEKNLG IGVSSFE EK MISDAIPELK360
 ASI KKGEDFV KTLK 374

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

LNEGTFHNTF LSIHCHKGE DKAGAGIRHG EGGRACSGFS LDHLRAGLLD PPSECCQLVL 60
 GKVHLGGALR DQGGDGLPSM ATNDRDVDSS WIQTLQLCNK GVGSDDVQGR HAEDFVGVVH120
 SMLLENFCCD GDGGINRIGN DADHGFRAVL GTGSGQGGHN RGIGVEQVVP GHAWLSGDSS180
 RNNYHITTFQ AVRQLFRSEV AFHSGFGLDV AQICGHSGCV RDIIEGQAAH QGAVLQEK 238

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

40

(A) LÄNGE: 242 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

60

EAGEEKAEEE GVAEEEGVNK FSYPSSHREC CPAVEEEDDE EAVKKEAHR T STSALSPGSK 60
 PSTWVSCPGE EENQATEDKR TERSKGARKT SVSPRSSGSD PRSWEYRSGE ASEEEKKKAH120
 KETGKGAAAP GPQSSAPQR POLKSWWCQP SDEEEGEVKA LGAAEKDGEA ECPPCIPPPS180
 AFLKAWVYWP GEDTEEEED EDEEDSDSGS DEEEGEAEAS SSTPATGVFL KSWVYQPGED240
 TQ 242

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 5 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

25 RPGCIGQERT L DSEDKEDDS EAALGEAESD PHPSHPDQRA HFRGWGYRPG KETEEEEAAE 60
 DWGEAEPCPF RVAIYVPEK PPPPWAPPRL PLRLQRRLLR PETPTHDPDP ETPLKARKVR120
 FSEKVTVHFL AVWAGPAQAA RQGPWEQLAR DRSRFARRIT QAQEELSPCL TPAARARAWA180
 RLRNPPLAPI PALTQTLPS SVPSSPVQTT PLSQAVATPS RSSAAAAAAL DLSGRRG 237

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 890 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

QDEHLITFFV PVFEPLPPQY FIRVVS DRWL SCETQLPVSF RHLILPEKYP PPTLLDLQP 60
 LPVSALRNSA FESLYQDKFP FENPIQTQVF NTVYNSDDNV FVGAPTGS GK TICAEFAILR120
 MLLQSSEGR C VYITPMEALA EQVYMDWYEK FQDRLNKKVV LLTGETSTD L KLLGKGNIII180
 STPEKWDILS RRWKQRKNVQ NINLFVVDEV HLIGGENGPV LEVICSRMRY ISSQIERPIR240
 55 IVALSSSLSN AKDVAHWLGC SATSTFNFHP NVRPVPLELH IQGFNISHTQ TRLLSMAKPV300
 YHAITKHSPK KPVIVFVPSR KQTRLTAIDI LTTCAADIQR QRFLHCTEKD LIPYLEKLS D360
 STLKETLLNG VGYLHEGLSP MERRLVEQLF SSGAIQVVVA SRSLCWGMNV AAHLVIIMDT420
 QYNGKI HAY VDPIYDV LQ MVGHANRPLQ DDEGRVCVIMC QGSKKDFFKK FLYEPLPVES480
 HLDHCMHDHF NAEIVTKTIE NKQDAVDYLT WFLYRRMTQ NPNYYNLQGI SHRHLSDHLS540
 60 ELVEQTLSD L EQSKCISIED EMDVAPLNLG MIAAYYYINY TTIELFSMSL NAKTKVRGLI600
 EIISNAAEYE NIPIRHHEDN LLRQLAQKVP HKLNNPKFND PHVKTNLLIQ AHLSRMQLSA660
 ELQSDTEEIL SKAIRLIQAC VDLSSNGWL SPALAAMELA QMVTQAMWSK DSYLKQLPHF720
 TSEHIKRC TD KGVESVFDIM EMEDEERNAL LQLTDSQIAD VARFCNRYPN IELSYEVVDK780
 65 DSIRSGGPV VLVQLEREEE VTGPVIAPLF PQKREEGWV VIGDAKSNSL ISIKRLTLQQ840
 KAKVKLDFVA PATGAHNYTL YFMSDAYMGC DQEYKFSVDV KEAETDS DSD 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

20

GDGSAEHGPR PLAAPLVTSR GAPASARPRG ALPGGSAPSA PHGQLPGRAQ PAPVSGPPPT 60
 SGLCHFDPAA PWPLWPGPWQ LPPHPQDWPA QPDIPQDWVS FLRSFGQLTL CPRNGTVTGK120
 WRGSHVVGLL TTLNFGDGPD RNKTRTFQAT VLGSQMGLKG SSAGQLVLIT ARVTERTAG180
 TCLYFSAVPG ILPSSQPPIS CSEEGAGNAT LSPRMGEECV SVWSHEGLVL TKLLTSEELA240
 LCGSRLLVLG SFLLLFCGLL CCVTAMCFHP RRESHWSRTR L 281

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

30

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

50

RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60
 RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120
 YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVQLQEE TPPGGPLTEA180
 LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

10 PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

15 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

35 APFWDLVAIV SLIGGAPRRV REDVWLWMLT VPEFFLGLLQ QLGGRLRHILF ILMFFKPGSH60
QTSKVSFVS LDAPRLEVA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

60 VGGACAVALP QAAAMAGQED PVQREIHQDW ANREYIEIIT SSIKKIADFL NSFDMSCRSR60
LATLNEKLTA LERRIEYIEA RVTKGETLT 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

65

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

NSAVLLLGSC FTQHRPHGKG PSSLQLLPFS LKSNRAYSCF SFFKSVAFGL CHLGCGVVCG60
KKFRGTVGND VRHFTFSVTF YTSTCQCI 88

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

HFIHLLVNVE ETFTAKSLGL FVKVLLTSIF LSLSLKLSLK FSLPLRCFCE QSLSPPHLWW60
EVRGSPGQDT HALAMWLPEN VVANPPVSC 89

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

50

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

REQILFIEIR DTAKGGETEQ PPSLSPLHGG RMPMGEGIQ SLARETQSHR GRRQGWDAW 60
VTRCRESLNR GGAGAGKRAG ALAHHVFLAL IEPNLAAREA SEEEVKACSD ETVVADLLVK120
VVYVLGAILK IFLREGNVLN QHSGMDIEKY SEHYQHDHSP GAEDDAAGGQ LRPTAQERRH180
KEGSRGSPRC KRARKAVGES PGCPRRGAEG AWPRPQPSHP GAAGGKGWAP LRTFAGDGAV240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

RLYMFVGPFPS KSFSVKGTS INTAEWTLKN IPSIINMITP QALRTMPQAA SFGPQHRSDA 60
IKKGVGDRRG ASGLGKRWEK AQDALAGGQR GRGPGLNHPI RGRQAEKAGL LSGLSRETAP120
SETKTAPGET FLDLCS 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

LQSRKVSPPG AVLVSDBGVS RESPERSPAF SACRPRMGWL RGPGRPLCPP ARASWAFSHR 60
FPSPLAPRRS PTPFFMASLL CCGPKLAACG IVLSAWGVIM LIMLGIFNV HSAVLIEDVP120
FTEKDFENGP QNIYNLYEQV SYNCFIAAGL YLLGGFSFC QVRLNKRKEY MVR 173

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon. 5
 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasentumorge-
webe erhöht exprimiert sind.
 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend
den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 50, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 10
 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Ho-
mologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Ho-
mologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Se- 15
quenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisie-
ren.
 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Frag-
ments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Frag- 20
ments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biolo-
gisch aktiven Polypeptids kodiert.
 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprü- 25
che 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-
rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kas-
sette befindlichen DNA-Sequenzen ein
Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt. 30
 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Ge-
nen.
 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-
Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10. 35
 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zell-
system ist.
 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsy-
stem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirts- 40
zellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der
Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist. 45
 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 51–106.
 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß
Anspruch 24 binden kann.
 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen. 50
 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 51–106, als Tools zum Auffin-
den von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor.
 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 zur Expres-
sion von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden
können. 55
 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 in sense oder antisense Form.
 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 51–106 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Be-
handlung des Blasen-tumors.
 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 51–106, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Be-
handlung gegen den Blasen-tumor. 60
 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 51–106.
 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische
Sequenz ist.
 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Se- 65
quenz ist.
 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarian-
ten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50.
 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

DE 198 18 619 A 1

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

5

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

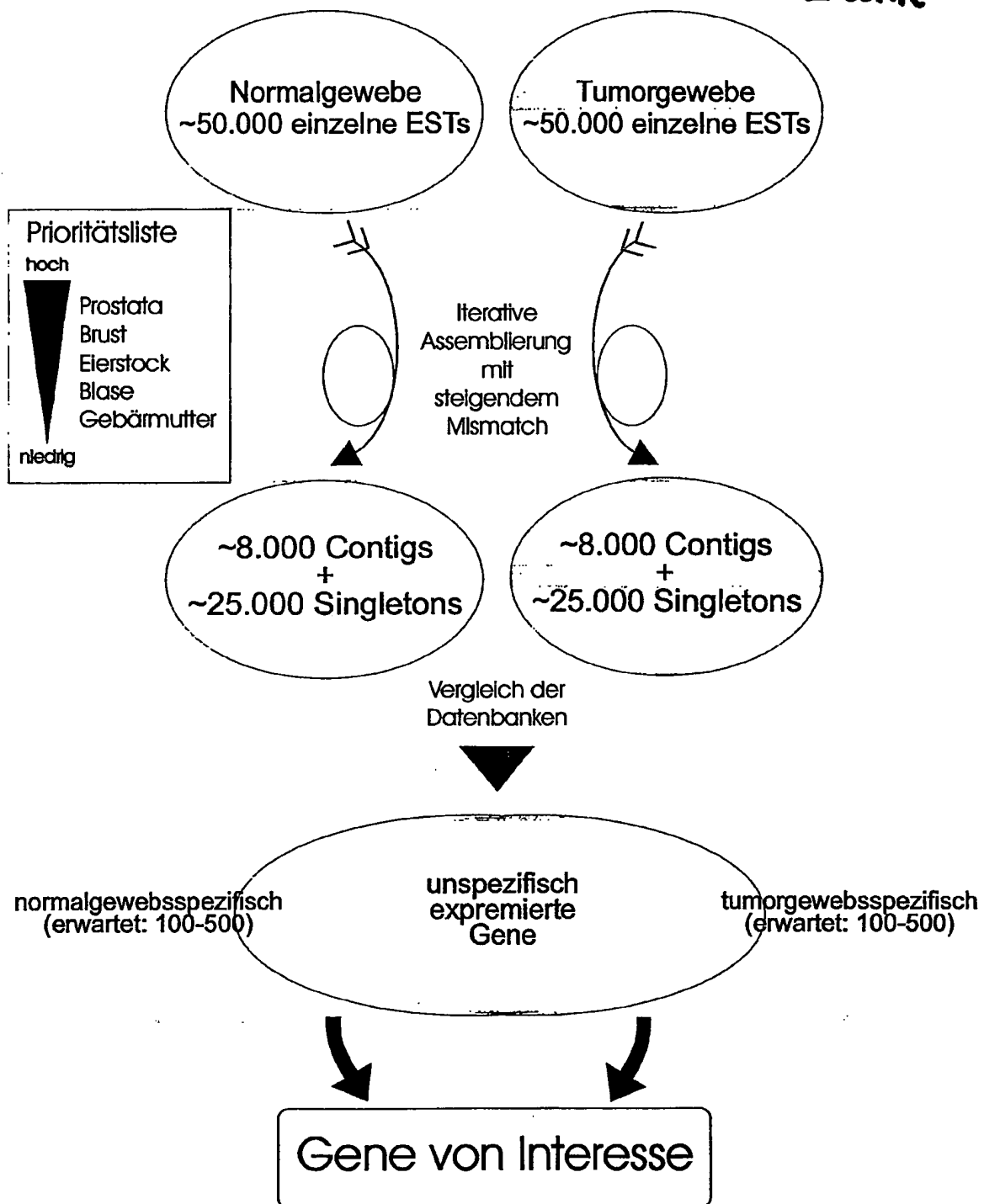


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

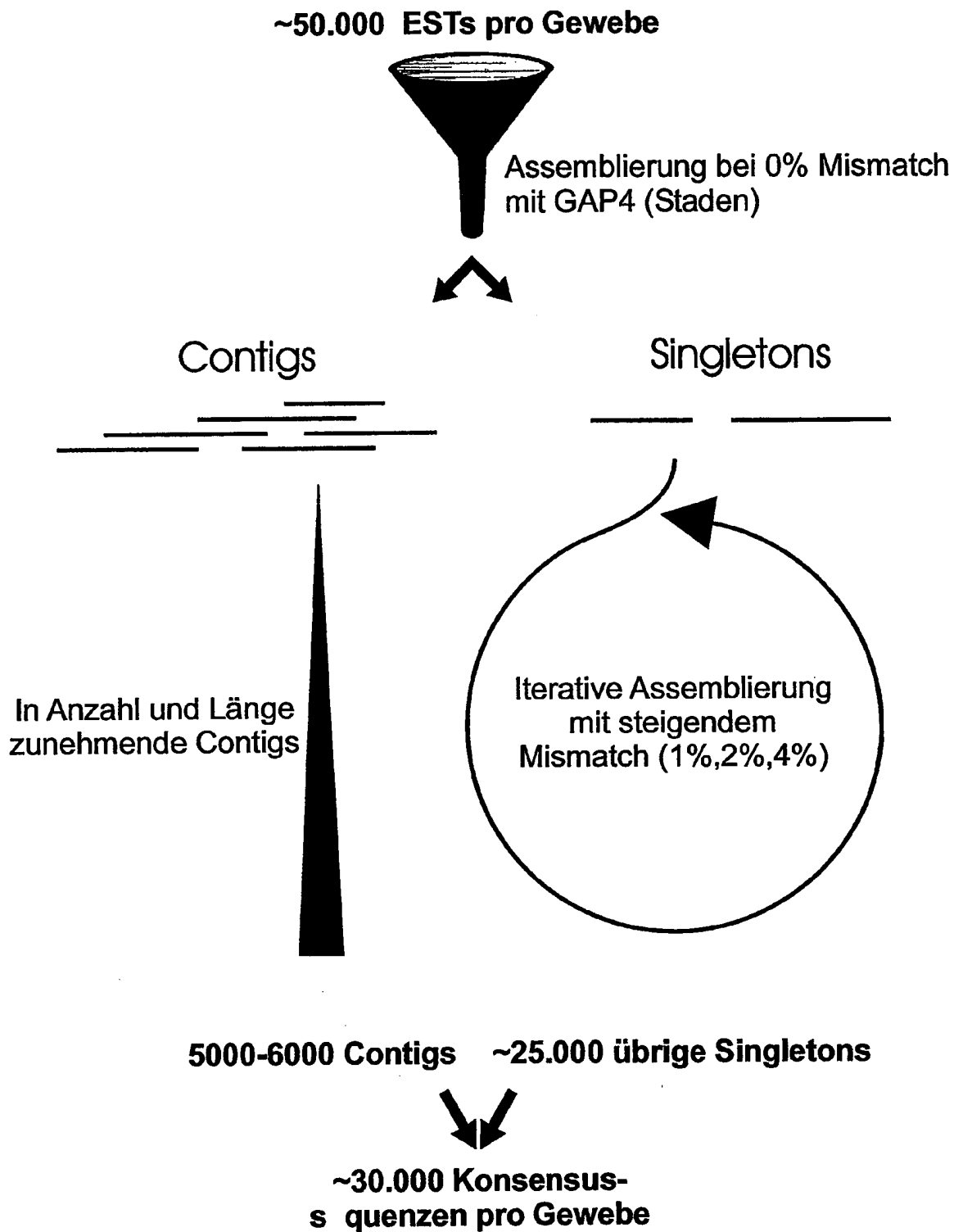


Fig. 2a

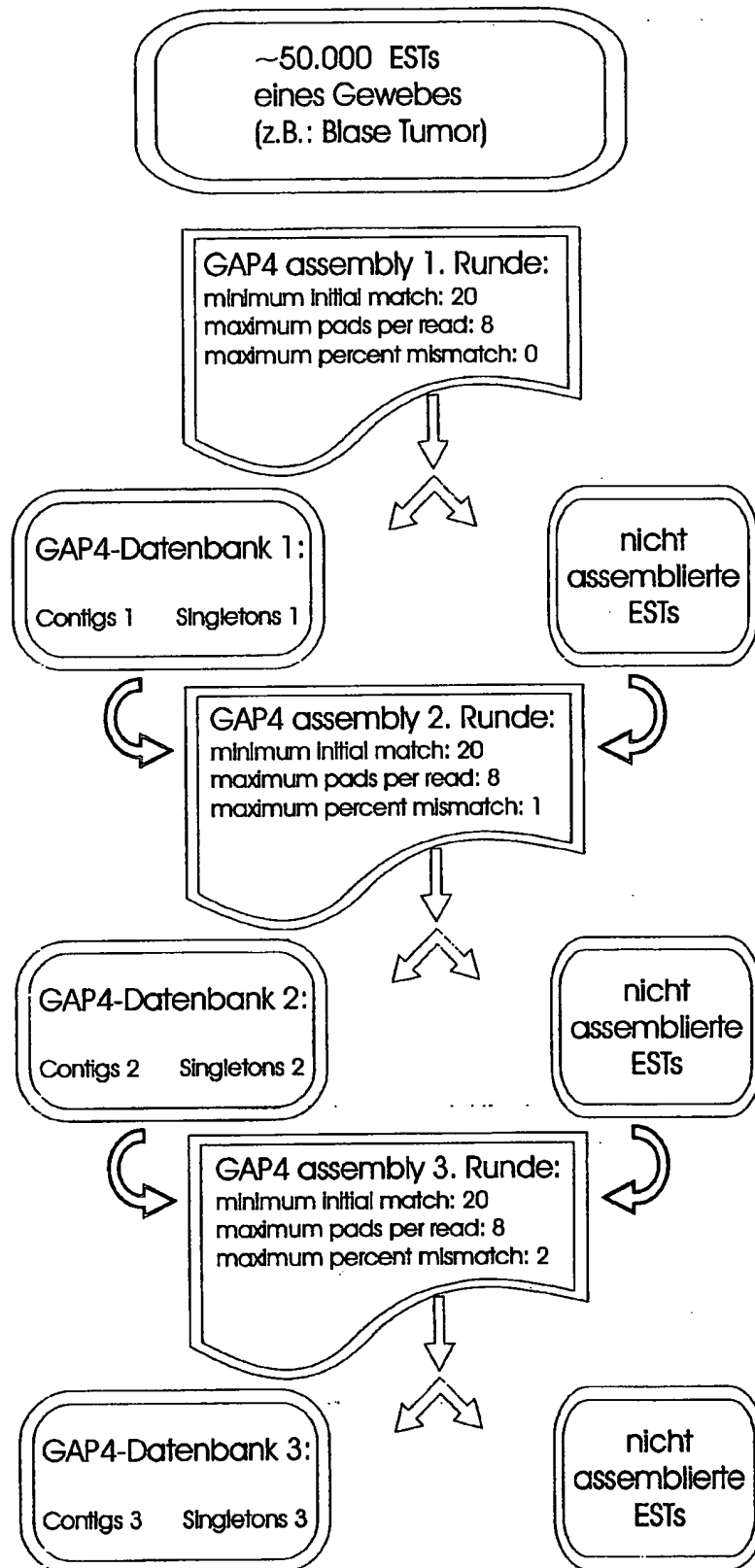


Fig. 2b1

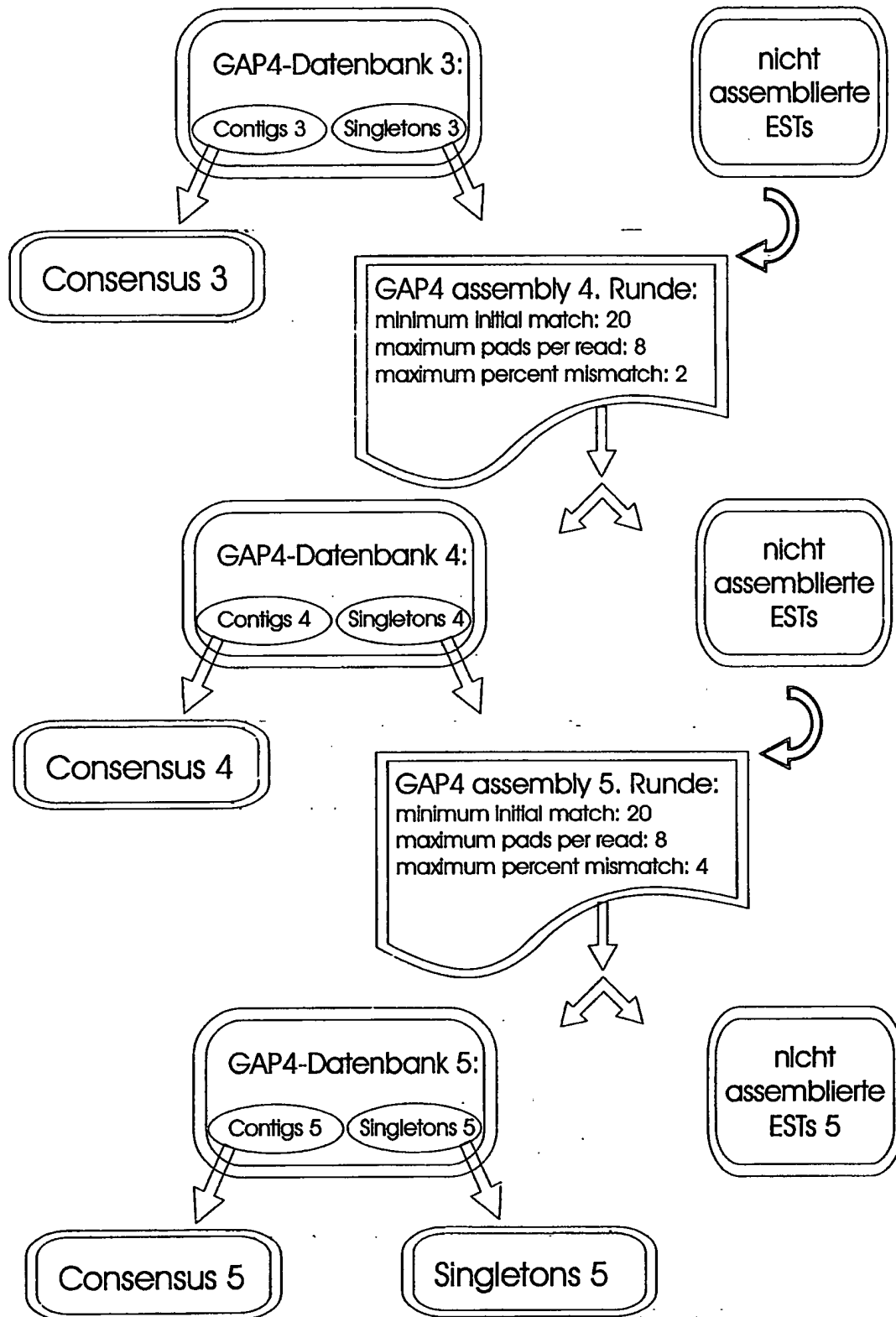


Fig. 2b2

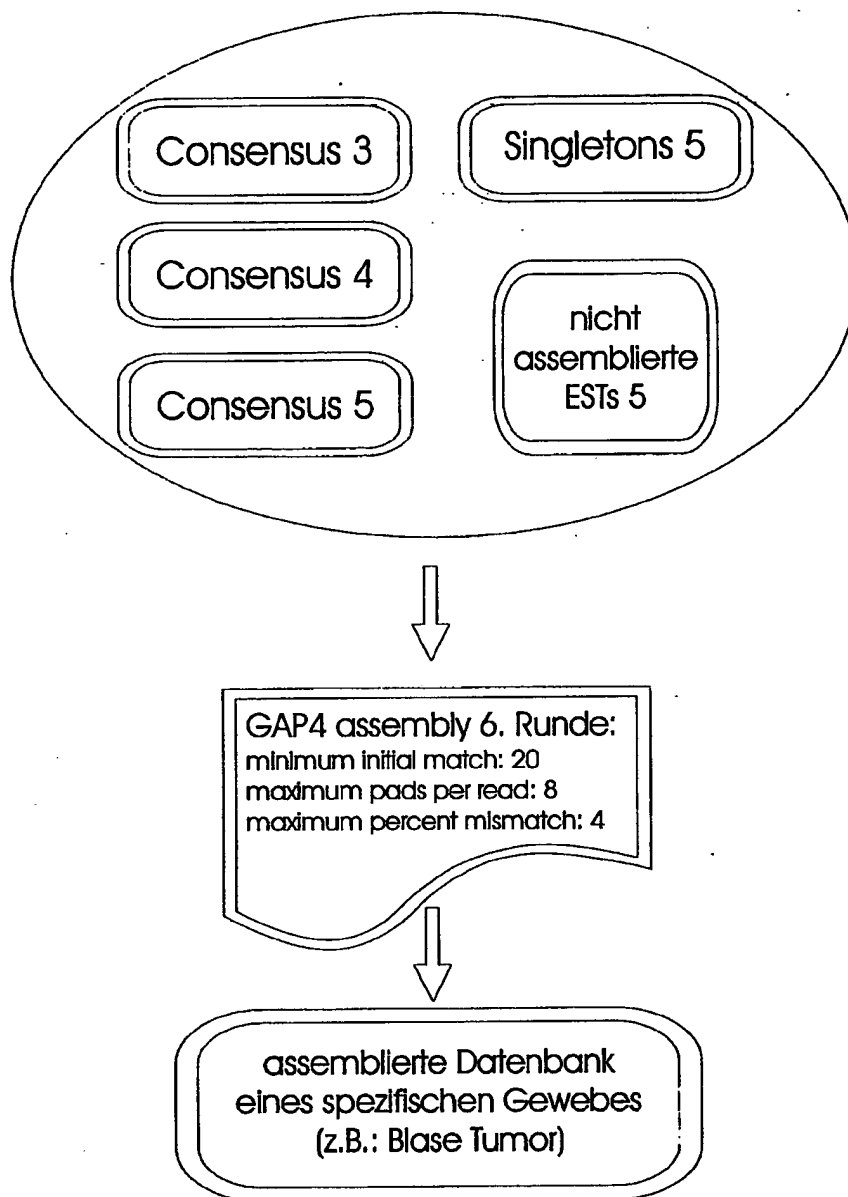


Fig. 2b3

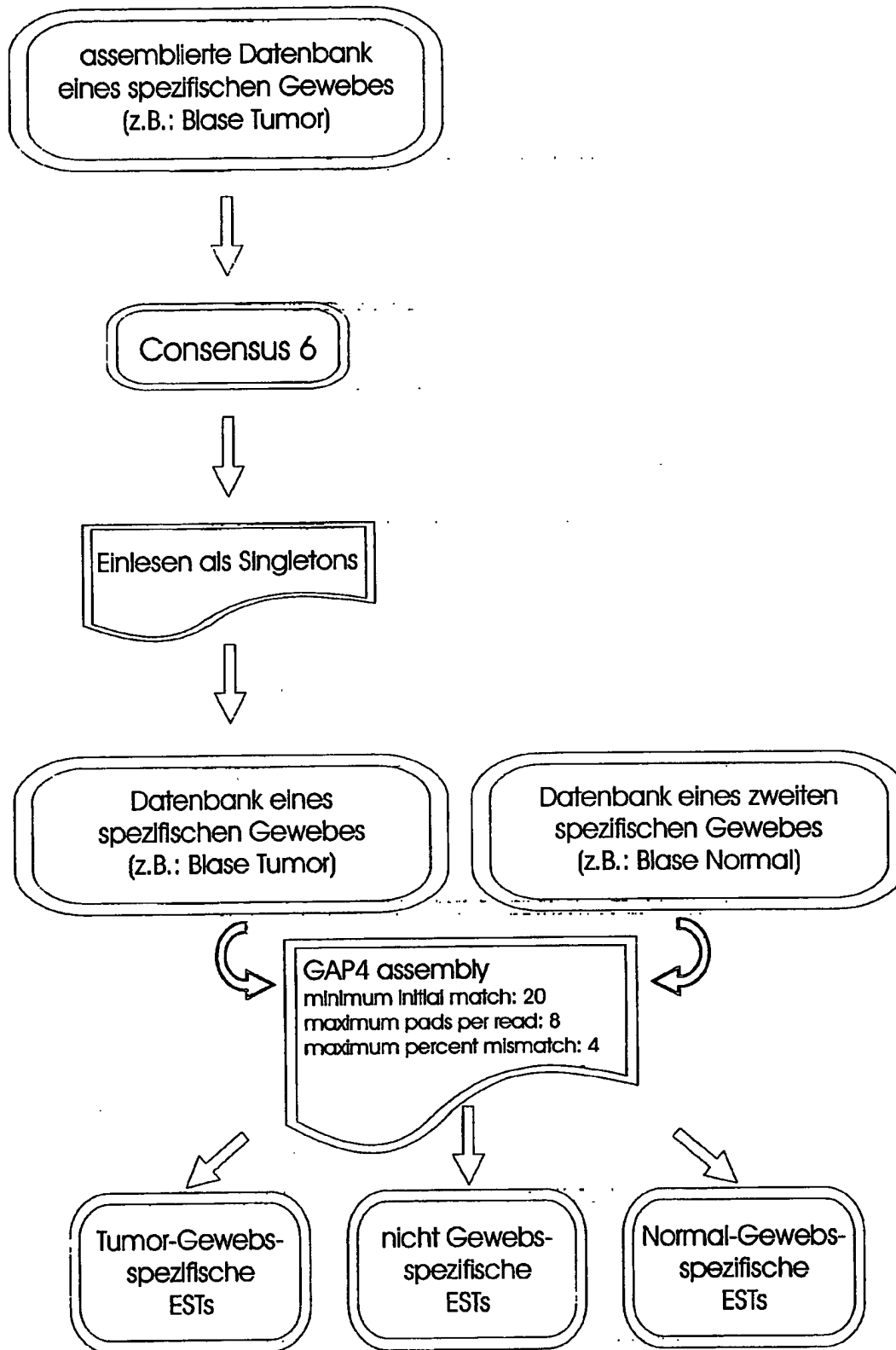


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

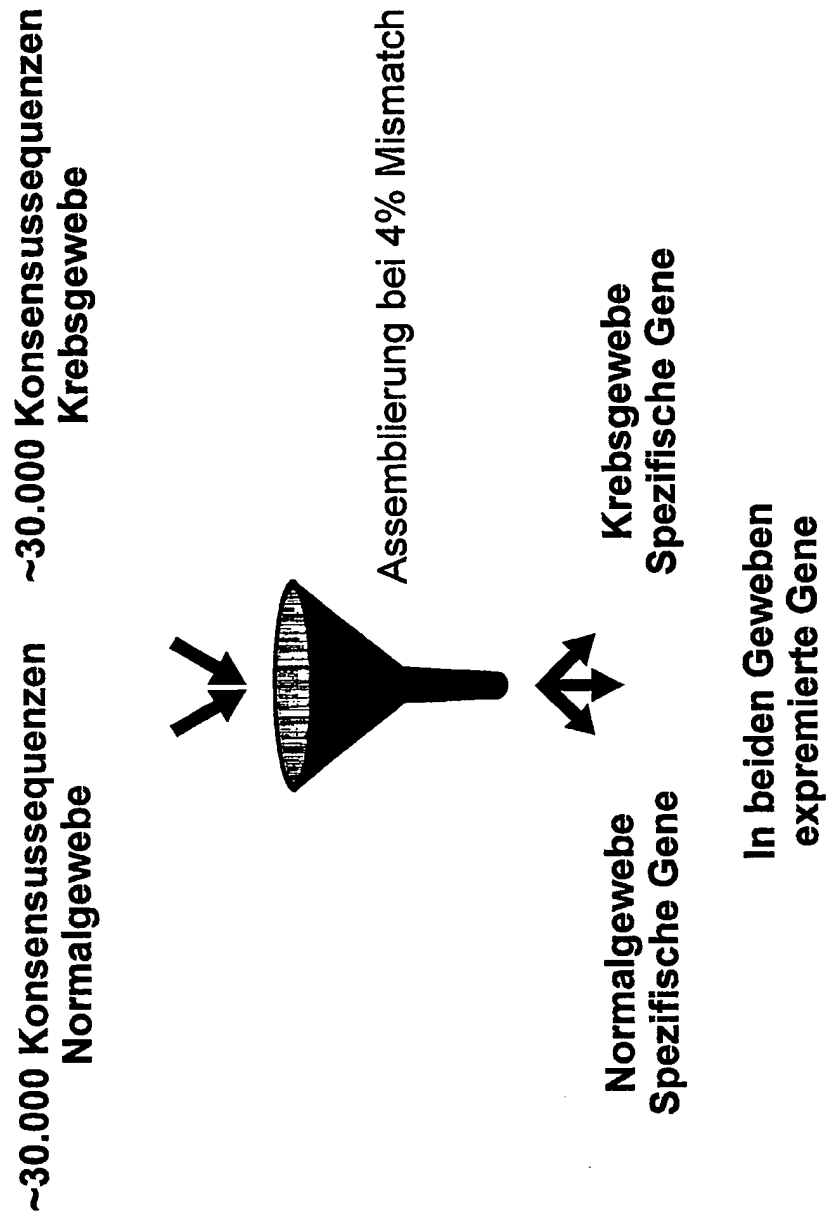


Fig. 3

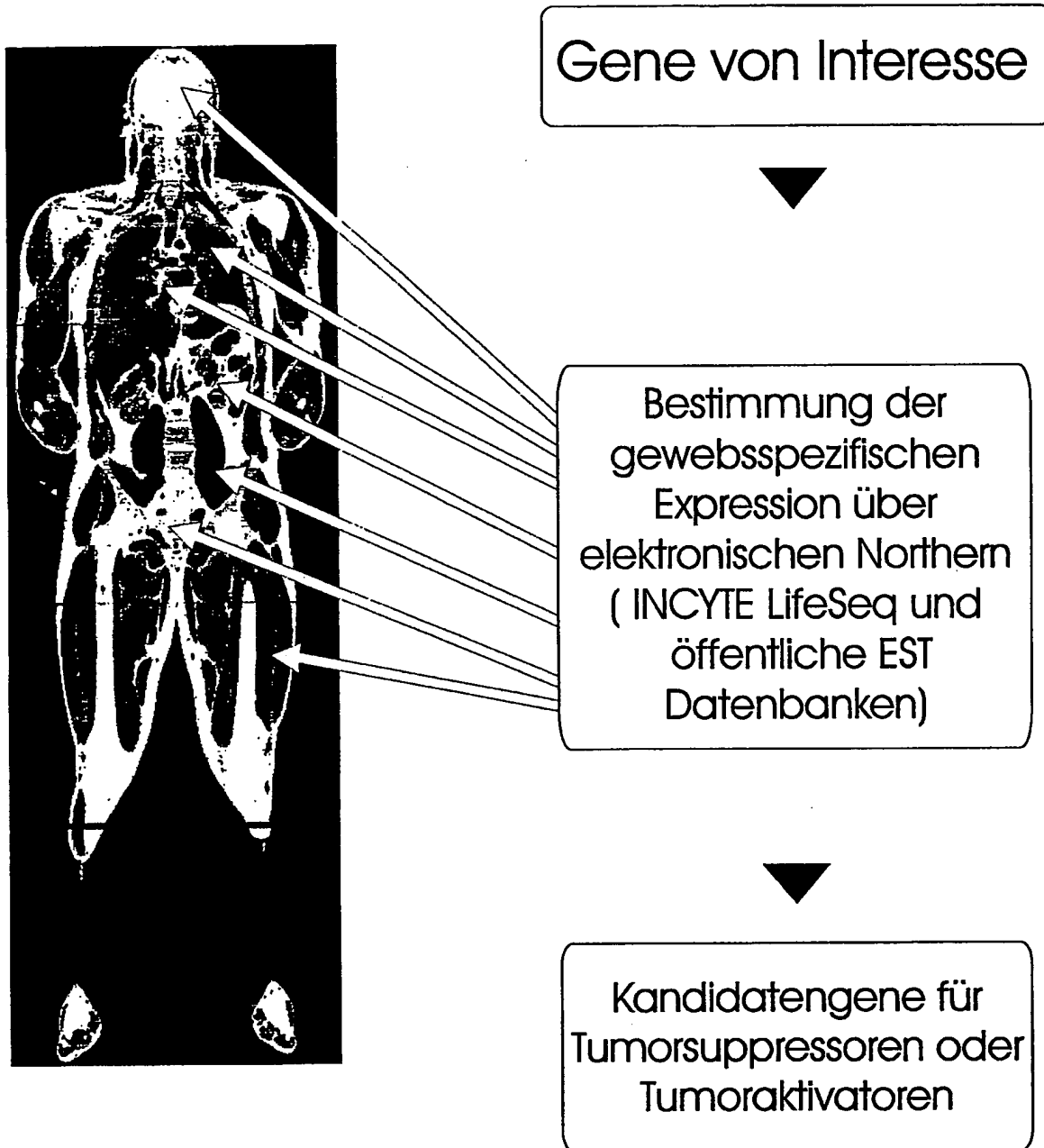


Fig. 4a

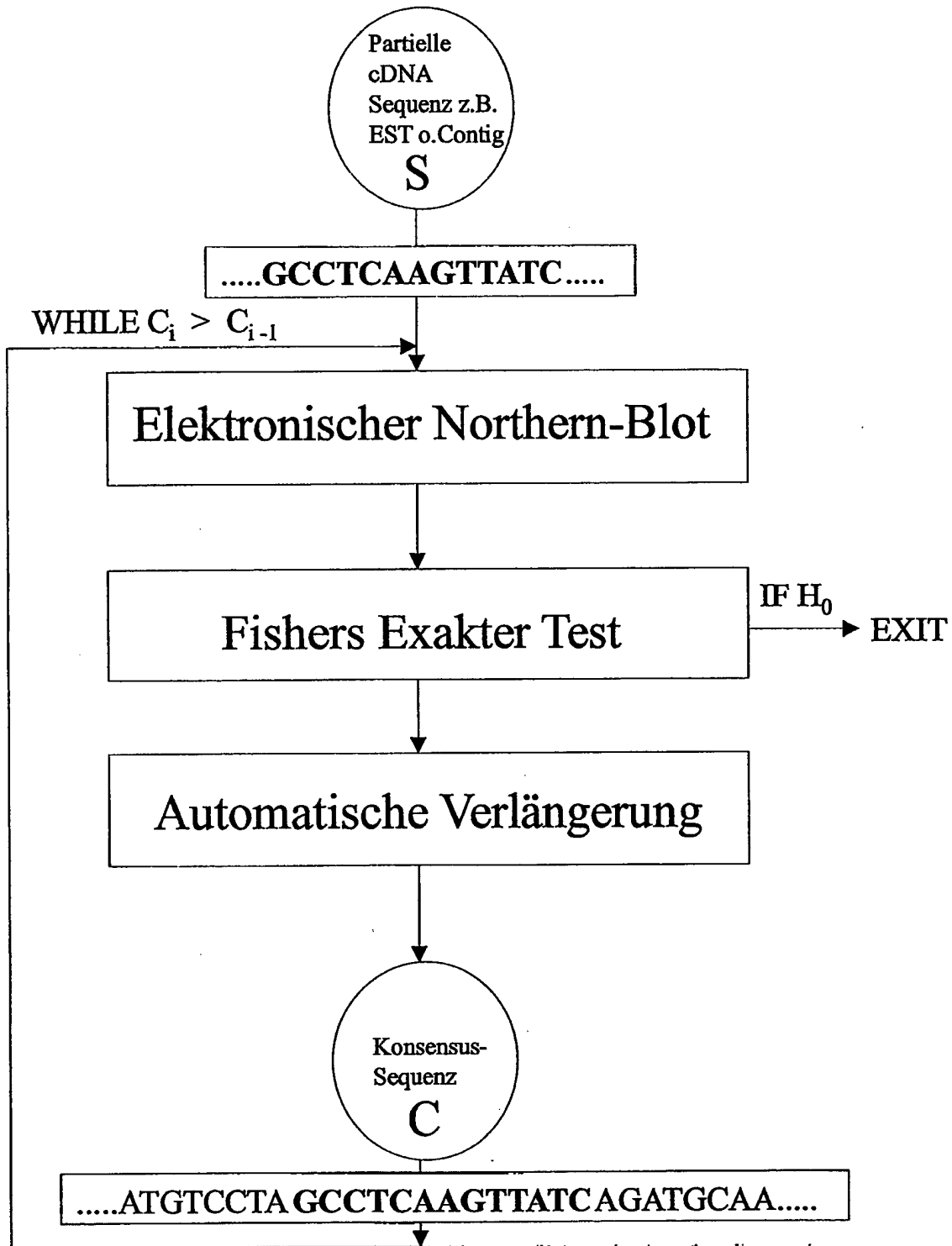


Fig. 4b

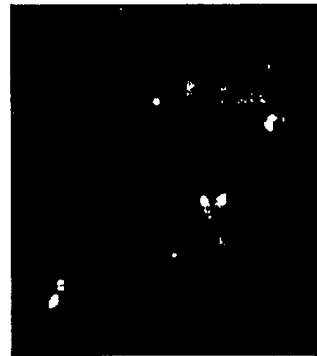
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5